



## DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

<b>(51) Classification internationale des brevets <sup>6</sup> :</b> <b>C12N 15/12, 15/86, 5/10, C07K 14/47, 14/82, A61K 39/395, 48/00, C12Q 1/68, G01N 33/574, 33/68</b>	<b>A2</b>	<b>(11) Numéro de publication internationale: WO 97/22695</b> <b>(43) Date de publication internationale: 26 juin 1997 (26.06.97)</b>
<b>(21) Numéro de la demande internationale:</b> PCT/FR96/02061 <b>(22) Date de dépôt international:</b> 20 décembre 1996 (20.12.96)  <b>(30) Données relatives à la priorité:</b> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div>95/15146 96/04853</div> <div>20 décembre 1995 (20.12.95) 18 avril 1996 (18.04.96)</div> <div>FR FR</div> </div> <b>(71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US):</b> FONDATION JEAN DAUSSET-CEPH [FR/FR]; 27, rue Juliette-Dodu, F-75010 Paris (FR).  <b>(72) Inventeurs; et</b> <b>(75) Inventeurs/Déposants (US seulement):</b> TALERMAN, Adam [FR/FR]; 12, rue de la Chaise, F-75007 Paris (FR). AMSON, Robert [FR/FR]; 10, rue Gay-Lussac, F-75005 Paris (FR). COHEN, Daniel [FR/FR]; 3, rue de l'Orme-au-Mesnier, F-91600 Savigny-sur-Orge (FR).  <b>(74) Mandataires:</b> MARTIN, Jean-Jacques etc.; Cabinet Regimbeau, 26, avenue Kléber, F-75116 Paris (FR).		<b>(81) Etats désignés:</b> CA, JP, US, brevet européen (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Publiée</b> <i>Sans rapport de recherche internationale, sera republiée dès réception de ce rapport.</i>
<b>(54) Title: NUCLEOTIDE SEQUENCES, PROTEINS, DRUGS AND DIAGNOSTIC AGENTS FOR TREATING CANCER</b> <b>(54) Titre: SEQUENCES NUCLEOTIDIQUES, PROTEINES, MEDICAMENTS ET AGENTS DIAGNOSTIQUES UTILES DANS LE TRAITEMENT DU CANCER</b>  <b>(57) Abstract</b> <p>A nucleotide sequence corresponding to a gene comprising (a) one of sequences SEQ ID 1 to 11, or an equivalent gene which comprises (b) a sequence hybridisable with one of the sequences of (a), (c) a sequence at least 80 % homologous with (a) or (b), or (d) a sequence coding for a protein encoded by a gene according to (a), (b) or (c), or for an equivalent protein, and the use thereof, in particular for controlling cancer as well as for therapeutic follow-up. These genes are in the TSAP (tumor suppressor activated pathway) group, designated TSAP 1 to TSAP 8 and TSAP 3 human (or HUMSIAH) and in TSIP (tumor suppressor inhibited pathway) group, designated TSIP 1 and TSIP 2, both types of genes corresponding to sequences activated or inhibited, respectively, during cellular apoptosis, particularly that induced by p53.</p> <b>(57) Abrégé</b> <p>La présente invention concerne une séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant: (a) une séquence selon l'une des IND. SEQ 1 à 11 ou un gène équivalent qui comporte: (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a), (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a) ou (b), ou (d) une séquence codant pour une protéine codée par une gène selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente, et leur application notamment dans la suppression du cancer ainsi que dans le suivi thérapeutique. Ces gènes regroupés en TSAP (tumor suppressor activated pathway) et dénommés TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain (ou HUMSIAH), et en TSIP (tumor suppressor inhibited pathway) et dénommés TSIP 1 et TSIP 2, ces deux types de gènes correspondant respectivement à des séquences induites ou inhibées lors de l'apoptose cellulaire, notamment celles induites par p53.</p>		

### UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AT	Arménie	GB	Royaume-Uni	MW	Malawi
AT	Autriche	GE	Géorgie	MX	Mexique
AU	Australie	GN	Guinée	NE	Niger
BB	Barbade	GR	Grèce	NL	Pays-Bas
BE	Belgique	HU	Hongrie	NO	Norvège
BF	Burkina Faso	IE	Irlande	NZ	Nouvelle-Zélande
BG	Bulgarie	IT	Italie	PL	Pologne
BJ	Bénin	JP	Japon	PT	Portugal
BR	Brésil	KE	Kenya	RO	Roumanie
BY	Bélarus	KG	Kirghizistan	RU	Fédération de Russie
CA	Canada	KP	République populaire démocratique de Corée	SD	Soudan
CF	République centrafricaine	KR	République de Corée	SE	Suède
CG	Congo	KZ	Kazakhstan	SG	Singapour
CH	Suisse	LI	Liechtenstein	SI	Slovénie
CI	Côte d'Ivoire	LK	Sri Lanka	SK	Slovaquie
CM	Cameroon	LR	Libéria	SN	Sénégal
CN	Chine	LT	Lituanie	SZ	Swaziland
CS	Tchécoslovaquie	LU	Luxembourg	TD	Tchad
CZ	République tchèque	LV	Lettonie	TG	Togo
DE	Allemagne	MC	Monaco	TJ	Tadjikistan
DK	Danemark	MD	République de Moldova	TT	Trinité-et-Tobago
EE	Estonie	MG	Madagascar	UA	Ukraine
ES	Espagne	ML	Mali	UG	Ouganda
FI	Finlande	MN	Mongolie	US	Etats-Unis d'Amérique
FR	France	MR	Mauritanie	UZ	Ouzbékistan
GA	Gabon			VN	Viet Nam

*SÉQUENCES NUCLÉOTIDIQUES, PROTÉINES, MÉDICAMENTS ET AGENTS  
DIAGNOSTICS UTILES DANS LE TRAITEMENT DU CANCER.*

La présente invention concerne la mise en évidence de gènes impliqués dans les voies moléculaires de la suppression tumorale et  
5 l'utilisation des gènes ainsi mis en évidence pour le traitement de certains dysfonctionnements géniques, notamment les cancers.

La présente invention a été rendue possible par l'isolement d'ADNc correspondant à des ARN messagers exprimés ou réprimés lors du processus d'apoptose induit par le gène suppresseur p53.

10 Une analyse globale des événements moléculaires intervenant au cours du cycle cellulaire lors du développement et de l'apoptose cellulaire est nécessaire pour mieux comprendre l'importance du gène p53 dans le processus de suppression tumorale ou, au contraire, de cancérisation.

La transformation d'une cellule normale en cellule tumorale est un  
15 processus qui se déroule en plusieurs étapes et qui nécessite une suite d'événements moléculaires. Au niveau physiologique, ces événements se traduiront par une indépendance de la cellule tumorale vis-à-vis des signaux extérieurs ainsi que par une dérégulation interne menant à une croissance incontrôlée.

20 Deux groupes de gènes sont responsables de cette transformation dite "maligne", d'une part, les oncogènes, d'autre part, les gènes suppresseurs ou anti-oncogènes. Les oncogènes, en raison de leur dérégulation dans le cancer (résultant le plus souvent d'une mutation ou d'une translocalisation) induiront un signal positif qui favorisera la  
25 croissance néoplasique. Au contraire, les gènes suppresseurs, du fait de leur délétion, de l'absence de leur expression par mutation du promoteur, par exemple, ou encore de mutations qui modifieront la structure et la fonction de la protéine, seront incapables dans le cancer de fournir le signal qui lui, normalement, devrait freiner cette croissance anormale. En conséquence, le  
30 dysfonctionnement des gènes suppresseurs contribue à la transformation néoplasique.

L'objet de la présente invention est l'isolement de gènes ayant normalement une action dans la suppression tumorale et dont il sera alors possible de surveiller et de traiter les éventuels dysfonctionnements.

35 En particulier, l'isolement de ces gènes permet d'avoir recours à une thérapie génique de remplacement ou bien à la synthèse d'agents pharmacologiques, protéiques ou non protéiques, qui, directement ou

indirectement, par leur action sur les promoteurs, induiront l'activation et l'expression de ces gènes, ou encore la synthèse d'agents pharmacologiques qui permettront de mimer l'effet physiologique de ces gènes suppresseurs.

L'objectif final est, soit d'inhiber la croissance tumorale, ou mieux, d'induire le processus apoptotique de ces cellules tumorales, c'est-à-dire de conduire les cellules tumorales à se "suicider".

La présente invention concerne la mise en évidence de gènes qui sont impliqués dans cette apoptose. En effet, chaque cellule possède en elle un programme de mort physiologique. Il s'agit également d'un processus physiologique qui est impliqué dans le développement afin de maintenir l'homéostasie du corps et de ne pas voir des proliférations cellulaires anormales s'établir, même si, au demeurant, elles n'ont pas de caractère malin.

L'un des gènes suppresseurs les plus importants impliqués dans l'apoptose est le gène p53. Dans sa fonction normale, ce gène contrôle la croissance cellulaire et le processus d'apoptose ; en particulier, c'est ce gène qui bloque la croissance cellulaire et qui doit induire le processus apoptotique afin d'éviter le développement d'un cancer. On a ainsi mis en évidence que des souris nullizygotes pour le p53 étaient beaucoup plus sensibles à la formation de tumeurs. On a également mis en évidence le fait que, dans les cancers, le gène p53 était très souvent altéré et conduisait à la production de protéines incapables de véhiculer le message d'apoptose.

C'est cette particularité qui a été mise en oeuvre dans le cadre de la présente invention.

En effet, la présente invention repose sur la constatation qu'il n'est pas possible, ou du moins qu'il paraît très difficile, de mettre en place une thérapie de substitution directe lors d'un dysfonctionnement du gène p53. En effet, le p53 muté comme il l'est dans le cancer va annuler l'effet physiologique du p53 normal.

Il a donc fallu renoncer, du moins dans un premier temps, à une thérapie de substitution agissant directement au niveau de p53.

La présente invention s'est donc attachée à étudier les gènes situés en aval de p53 afin de "bipasser" la difficulté évoquée précédemment.

Afin d'isoler les gènes activés ou inhibés par le p53 normal (wild-type p53) on a effectué un ratissage global de l'expression des gènes dans une cellule induite en apoptose et dans la même cellule maligne, plus particulièrement dans une cellule exprimant le p53 normal dans sa fonction

et dans une cellule exprimant le p53 muté dont la fonction est oncogénique. La comparaison des gènes exprimés (ARN messagers exprimés dans les deux types de cellule) a permis de mettre en évidence des gènes exprimés différemment, c'est-à-dire exprimés dans l'une des cellules alors qu'ils ne le sont pas dans l'autre (les gènes peuvent être activés ou inhibés).

On en déduit aisément que ces gènes sont impliqués dans le processus de cancérisation, dans un cas par leur absence, et, dans l'autre cas, par leur présence.

Pour cette étude différentielle, la méthode utilisée est la méthode décrite en 1992 par Liang et Pardee (Differential display of eucaryotic mRNA by mean of a polymerase chaine reaction).

Jusqu'à présent, l'isolement des gènes impliqués dans la suppression était effectué soit par clonage positionnel, soit par l'emploi des doubles hybrides. La première méthode permettait, par un calcul statistique, de calculer la plus haute probabilité où pouvait se localiser, au niveau chromosomique, un gène suppresseur candidat pour un type bien particulier de cancer, surtout ceux d'origines familiales. Le système de doubles hybrides permet d'isoler une à une les protéines qui-interagissent avec un gène donné.

L'approche du problème selon la présente invention a permis d'isoler des séquences directement reliées à une fonction. Dès lors, au contraire du séquençage aléatoire des EST, les séquences sont des séquences dont la fonction est connue et qui sont impliquées dans le processus d'apoptose induit par le gène suppresseur p53.

De façon plus précise, cette méthode a été utilisée sur un modèle cellulaire décrit par Moshe Oren, il s'agit de cellules myéloïdes tumorales de souris qui ont été transfectées par un mutant stable du gène p53. En fait, l'expression de ce gène est thermosensible, c'est-à-dire que dans des conditions de culture cellulaire à 37°C la protéine produite est une protéine mutée, c'est-à-dire qu'elle ne peut jouer le rôle de suppresseur de tumeur et donc que la lignée cellulaire correspondante se développe sous forme de cellule maligne, alors qu'à la température de 32°C la protéine p53 exprimée, comme la protéine naturelle, est capable de jouer le rôle de suppresseur et empêche la lignée cellulaire correspondante de devenir maligne.

Cette étude systématique a permis de mettre en évidence les gènes impliqués dans la cascade de suppression induite par p53.

C'est pourquoi la présente invention concerne ces nouvelles séquences et les gènes les comportant ainsi que l'utilisation de ces séquences, tant au niveau du diagnostic qu'au niveau de la thérapie, de même que pour la réalisation de modèles destinés à tester des produits anti-cancéreux.

5 La présente invention concerne tout d'abord une séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :

- (a) une séquence selon l'une des IND.SEQ 1 à 10 ou un gène équivalent qui comporte :
  - (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
  - 10 (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a) ou (b), ou
  - (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente,
- et leur application notamment dans la suppression du cancer ainsi que dans
- 15 le suivi thérapeutique.

De plus, la présente invention concerne un gène humain impliqué dans la cascade de suppression induite par p53 ainsi que l'utilisation des séquences de ce gène, tant au niveau du diagnostic qu'au niveau de la thérapie, de même que pour la réalisation de modèles destinés à tester des

20 produits anti-cancéreux ainsi que leur application à titre d'agent antiviral.

La présente invention concerne donc également une séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :

- (a) une séquence selon l'IND.SEQ 11 correspondant au gène TSAP 3 humain ou HUMSIAH (Human Homologue of the Drosophila seven in absentia gene), ou un gène équivalent qui comporte :
  - 25 (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
  - (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a) ou (b), ou
  - (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène selon
  - 30 (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente,
- et leur application notamment dans la suppression du cancer ainsi que dans le suivi thérapeutique.

Concernant les séquences 1 à 11, la présente invention couvre aussi bien la séquence nucléotidique correspondant au gène entier que des

35 fragments de ce gène, notamment lorsqu'ils codent pour une protéine équivalente comme cela sera décrit ci-après.

Les séquences nucléotidiques peuvent être aussi bien de l'ADN que de l'ARN ou des séquences dans lesquelles certains des nucléotides sont non naturels, soit pour améliorer leurs propriétés pharmacologiques, soit pour permettre leur identification.

5 Les séquences mentionnées en (b) (pour les IND.SEQ 1 à 11) sont essentiellement les séquences complémentaires totales ou partielles (notamment pour les cas évoqués précédemment).

Les séquences (a) et (b) (pour les IND.SEQ 1 à 10) permettent non seulement l'accès au gène murin dont elles sont issues, mais également aux  
10 gènes humains correspondant par homologie.

Ainsi, l'invention concerne également les séquences nucléotidiques des gènes présentant une forte homologie avec les gènes mentionnés précédemment, de préférence une homologie supérieure à 80 % sur les parties essentielles desdits gènes, soit en général au moins 50 % de la  
15 séquence, de préférence l'homologie sera sur ces parties supérieure à 90 %.

Enfin, lorsque lesdits gènes codent pour une protéine, la présente invention concerne également les séquences codant pour la même protéine, compte tenu de la dégénérescence du code génétique, mais également pour les protéines équivalentes, c'est-à-dire produisant les mêmes effets,  
20 notamment les protéines délétées et/ou ayant subi des mutations ponctuelles.

Les séquences selon la présente invention sont plus particulièrement les séquences qui sont induites ou inhibées lors de l'apoptose cellulaire, notamment celles induites par p53.

Lesdits gènes sont regroupés en TSAP ou "Tumor Suppressor  
25 Activated Pathway" et dénommés de TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain, correspondant aux IND.SEQ 1 à 8 et 11 (HUMSIAH) respectivement, et en TSIP ou "Tumor Suppressor Inhibited Pathway" et dénommés TSIP 1 et TSIP 2, correspondant aux IND.SEQ 9 et 10.

Les caractéristiques des séquences correspondent aux IND.SEQ 1 à  
30 10 sont rassemblées dans le tableau ci-annexé.

Les séquences nucléotidiques correspondant aux gènes TSAP (y compris le TSAP 3 humain ou HUMSIAH), sont des séquences exprimées lors du processus d'apoptose alors que lorsqu'ils ne sont pas exprimés le processus d'oncogénèse se poursuit. Il est donc intéressant :

- 35
- de détecter toute anomalie dans le gène correspondant, laquelle peut conduire à une plus grande susceptibilité à l'oncogénèse, et
  - de pouvoir prévoir une thérapie de remplacement.

Il faut d'ailleurs rappeler que ces gènes peuvent intervenir dans d'autres processus que les processus oncogènes ; en effet, p53 est en quelque sorte le gardien de l'intégrité du génome, dans ces conditions les gènes TSAP ou TSIP sont sans doute également impliqués dans cette fonction de contrôle, c'est donc l'ensemble des altérations possibles du génome qui peuvent être redevables de la détection et de la thérapie précédente. Au contraire, les gènes TSIP sont exprimés lors de l'oncogénèse et non lors de l'apoptose, il est donc là aussi intéressant de détecter l'éventuelle anomalie des TSIP et également de prévoir une thérapie d'inhibition/blocage.

La thérapie de remplacement pourra être effectuée par thérapie génique, c'est-à-dire en introduisant le gène TSAP avec les éléments qui permettent son expression in vivo. Les principes de la thérapie génique sont connus. On peut utiliser des vecteurs particuliers, viraux ou non viraux, par exemple des adénovirus, rétrovirus, virus herpès ou poxvirus. La plupart du temps ces vecteurs sont utilisés sous forme défectifs qui serviront de véhicules d'expression de TSAP avec ou sans intégration. Les vecteurs peuvent être également synthétiques, c'est-à-dire mimer des séquences virales, ou bien être constitués par de l'ADN ou de l'ARN nu selon la technique développée notamment par la société VICAL.

Dans la plupart des cas, il faudra prévoir des éléments de ciblage assurant une expression spécifique des tissus ou organes, en effet, il n'est pas possible d'envisager d'activer un phénomène d'apoptose incontrôlé.

La présente invention concerne donc l'ensemble des vecteurs décrits précédemment.

La présente invention concerne également les cellules transformées par un vecteur d'expression tel que décrit précédemment ainsi que la protéine pouvant être obtenue par culture de cellules transformées.

Les systèmes d'expression pour produire des protéines peuvent être aussi bien des systèmes eucaryotes tels que les vecteurs précédents que des systèmes procaryotes dans des cellules de bactéries.

L'un des intérêts de la présente invention est qu'elle a mis en évidence l'implication de plusieurs gènes dans l'apoptose ; ainsi la surexpression de l'un des gènes par thérapie génique peut, pour certains d'entre eux, ne conduire à l'apoptose que les cellules dans lesquelles s'expriment déjà d'autres gènes déréglés, c'est-à-dire des cellules malignes.

La présente invention concerne également, à titre de médicament, un composé assurant l'expression cellulaire d'au moins une des séquences



nucléotidiques précédentes lorsqu'elle est induite lors de l'apoptose cellulaire, notamment des gènes TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain, ou au contraire assurant l'inhibition de l'expression cellulaire d'au moins une séquence cellulaire telle que décrite précédemment lorsqu'elle est inhibée  
5 lors de l'apoptose cellulaire, notamment TSIP 1 et TSIP 2.

Il est, par exemple, possible de prévoir d'autres approches que la thérapie génique, notamment l'utilisation de séquences nucléotidiques en stratégie sens ou antisens, c'est-à-dire pouvant bloquer l'expression de TSIP ou au contraire, agissant en amont, favorisant l'expression de TSAP.

10 On peut également prévoir une stratégie de remplacement directe par apport de protéines correspondant à TSAP ou d'anticorps inhibiteurs correspondant à TSIP.

Enfin, il est possible de prévoir l'utilisation de molécules non protéiques dont l'activité sera d'activer TSAP ou de mimer l'action de son produit d'expression ou bien d'inhiber TSIP ou bien de bloquer l'action de son produit d'expression.  
15

Ces produits peuvent être aisément testés sur les cellules modifiées qui sont décrites dans les exemples en introduisant les produits à tester dans la culture cellulaire et en détectant l'apparition du phénomène apoptotique.  
20 Dans les stratégies à ADN, ARN ou protéique les produits sont bien entendu élaborés en fonction des séquences qui sont décrites.

La présente invention concerne en particulier l'utilisation des médicaments précédents en tant qu'agent anti-cancéreux.

Mais, le produit du gène TSAP 3 humain (HUMSI111) est également  
25 utile comme agent antiviral, comme cela apparaîtra à la lecture de l'exemple 2. La présente invention concerne donc également l'utilisation des médicaments précédents comme agent antiviral.

La présente invention concerne également à titre d'agent de diagnostic pour la détermination de la prédisposition au cancer, tout ou partie  
30 des séquences selon l'invention à utiliser comme sonde nucléotidique ou comme amorce d'amplification, mais également à titre d'agent de diagnostic pour la détermination de la prédisposition au cancer un antigène correspondant à tout ou partie des protéines codées par la séquence selon l'invention ou les anticorps, notamment les anticorps monoclonaux,  
35 correspondants, éventuellement après culture.

Les méthodes de diagnostic sont connues, il peut s'agir, par exemple, de techniques de microséquençage des parties variables après

isolement et amplification éventuelle ou des méthodes de détection type RFLP ou d'amplification simple notamment. Les techniques différentielles peuvent, en particulier, permettre de mettre en évidence l'écart entre le TSAP ou TSIP normal et anormal.

5 L'invention concerne également des modèles mettant en oeuvre les séquences précédentes.

Le gène TSAP 3 humain (HUMSIAH) peut être isolé, notamment, en utilisant la méthode PCR ou d'autres méthodes d'amplification en mettant à profit la structure du gène. Il est également possible de synthétiser ce gène  
10 par morceau, si nécessaire.

Enfin, l'invention concerne un perfectionnement à la méthode de Liang et Pardee (1) caractérisé en ce que dans l'amplification par PCR on effectue une diminution en palier ("touch down") tel que décrit dans Don et al. (2).

15 D'autres caractéristiques de l'invention apparaîtront à la lecture des exemples ci-après faite notamment en se référant aux figures suivantes :

- Figure 1 - Quantification de l'expression différentielle des ARNm utilisant l'imageur 1200 β. Hybridation aux ARNm dérivés des cellules LTR6 à 37°C et des cellules LTR6 après 4 heures à 32°C. Les nombres en ordonnées de 0 à  
20 500 correspondent au comptage détecté par 0,15 mm et sont proportionnels au signal d'hybridation.

C1 : ARNm exprimé également en utilisant un clone sans expression différentielle ;

25 C2 : contrôle positif utilisant la Cycline G et montrant l'induction des ARNm correspondant à 32°C ;

MER-LTR : montre l'induction de cette séquence à 32°C ;

TSAP 1 à TSAP 8 : expression différentielle des 8 ARNm activés dans les 4 premières heures suivant l'induction de l'apoptose ;

30 TSIP 1 et TSIP 2 : expression différentielle des 2 ARNm inhibés dans les 4 premières heures suivant l'induction de l'apoptose.

- Figure 2 - Analyse Northern blot.

A : hybridation avec la sonde TSAP 3 ;

B : hybridation avec la sonde siah 1b de souris ;

35 lignes 1 et 2 : ARNm polyA<sup>+</sup> de cellules leucémiques myéloïdes M1 (clone S6) cultivées à 37°C et 32°C respectivement ;

lignes 3 et 4 : ARNm polyA<sup>+</sup> de cellules LTR6 cultivées à 37°C et 32°C respectivement ;

la flèche indique l'expression différentielle du transcrit 1,9 kb de TSAP 3 -  
siah 1b de souris ;

panneaux inférieurs : GAPDH ;

C : distribution tissulaire utilisant TSAP 3 comme sonde ;

5 1 : coeur, 2 : cerveau, 3 : rate, 4 : poumon, 5 : foie, 6 : muscle du squelette, 7 :  
rein, 8 : testicule ;

les flèches indiquent les transcrits de 1,9 et 2,4 kb ;

panneau inférieur :  $\beta$ -actine.

- Figure 3 - Analyse de l'hybridation in situ avec la sonde TSAP 3 ;

10 A : cellules M1 incubées pendant 4 heures à 32°C et hybridées avec une  
sonde antisens TSAP 3 ;

B : cellules LTR6 incubées pendant 4 heures à 32°C et hybridées avec une  
sonde sens TSAP 3 ;

15 C : cellules LTR6 incubées à 37°C et hybridées avec une sonde antisens  
TSAP 3 ;

D à F : cellules LTR6 cultivées à 32°C pendant respectivement 1, 2 et  
4 heures et hybridées à une sonde antisens TSAP 3 ;

la barre dans le panneau A : 10  $\mu$ m ;

les flèches indiquent l'accumulation des ARNm TSAP 3 dans le cytoplasme.

20 - Figure 4 - Comparaison entre la séquence d'ADNc de TSAP 1 et la séquence  
nucléotidique correspondant à la phospholipase C bêta 4 de rat.

- Figure 5 - Comparaison entre la séquence d'ADNc de TSAP 2 et la séquence  
nucléotidique correspondant à la protéine digitée au zinc (ZFM 1) localisée  
dans le locus Multiple Endocrine Neoplasia (MEN 1).

25 - Figure 6 - Comparaison entre la séquence d'ADNc de TSAP 3 et la séquence  
nucléotidique correspondant au gène Drosophila seven in absentia (sina).

- Figure 7 - Comparaison entre le produit des gènes sina de différentes  
espèces, humain (HUMSIAH), murin (MMSIAH 1B) et de drosophile  
(DROSINA).

30 - Figure 8 - Comparaison entre la séquence d'ADNc de TSIP 2 et la séquence  
d'ADNc du transcript S182 murin du gène AD3 impliqué dans la maladie  
d'Alzheimer.

## MATERIELS ET METHODES

### Cultures cellulaires

35 Cellules de leucémie myéloïde M1 (clone S6) et cellules M1  
transfectées de façon stable avec un mutant sensible à la température val 135  
p53 (LTR6) (3).

Ces cellules sont cultivées sur milieu RPMI 1640 avec 10 % FCS à 5 % de CO<sub>2</sub> à 37°C. Pour la modification de la température, les cultures sont placées dans un second incubateur à 32°C. Pour tous les essais effectués dans cette étude, les cellules sont testées après 12 et 24 heures pour la présence d'apoptose.

#### Etude des ADNc différentiels

Pour effectuer les tests dans des conditions expérimentales standards et pour obtenir une reproductivité totale des résultats, les modifications suivantes au protocole d'origine (1) ont été effectuées.

On utilise toujours des ARNm polyA<sup>+</sup> purifiés deux fois sur colonne d'oligodT utilisant Fast Track (Invitrogen, San Diego CA). Après transcription réverse (M-MLV Reverse Transcriptase, Gibco BRL) sur 0,05 µg de polyA<sup>+</sup> utilisant 20 µM de chacun des dNTP (Boehringer-Mannheim), aucun dNTP additionné n'est ajouté au mélange de PCR final. Un "hot start" à 94°C pendant 5 minutes est effectué avant la PCR (GeneAmp PCR system 9600 Perkin Elmer Cetus). Les échantillons sont refroidis rapidement sur de l'eau glacée. Un "touch down" (2) de 10 cycles de 50°C à 40°C est effectué (94°C 30 secondes - 50°C 1 minute - 72°C 30 secondes), suivi par 35 cycles (94°C 30 secondes - 40°C 1 minute - 72°C 30 secondes) et une extension finale de 5 minutes à 72°C. Les produits de la PCR sont séparés sur gels de polyacrylamide à 6 % non dénaturant (4). Les gels sont exposés sans séchage. Chaque présentation différentielle est effectuée en comparant MIS6 et LTR6 à 37°C et après 4 heures d'incubation des deux lignées cellulaires à 32°C.

La procédure de présentation différentielle est répétée dans 3 expériences différentes pour confirmer une parfaite reproductibilité.

Les bandes exprimées différentiellement sont découpées à partir du gel, éluées et réamplifiées (1). Les produits de PCR sont sous-clonés en utilisant le système TA-cloning (Invitrogen, San Diego CA) en suivant les indications fournies.

Pour chaque réaction de ligation, 10 clones recombinants sont séquencés en utilisant le système automatique ABI.

#### Extraction des ARN, analyses et sondes Northern blots

L'ARN total est extrait avec du Trizol (Life Technologies). Les ARN polyA<sup>+</sup> sont préparés en utilisant le kit OligotexdT (Qiagen, CA). 30 µg de l'ARN total ou 2 µg d'ARN polyA<sup>+</sup> sont séparés sur agarose 1 %/1 x MOPS / 2 % gel de formaldéhyde, transférés sur membrane de nylon (Hybond N<sup>+</sup>, Appligène, France) comme cela a été décrit précédemment (5). Les Northern blots sont

hybridés avec des sondes marqués au P<sup>32</sup> sur les inserts TSAP et TSIP et lavés comme décrit précédemment (5). Pour vérifier l'induction de la fonction du p53 sauvage, les Northern blots sont hybridés avec une sonde cycline G (6). A titre de contrôle pour la quantité d'ARNm chargée, les blots sont  
5 hybridés avec une sonde GAPDH. Différents Northern blots (Clontech CA) sont utilisés dans des conditions identiques et hybridés pour le contrôle avec une sonde  $\beta$ -actine. Les produits de RT-PCR pour LTR6 sont amplifiés en utilisant les amorces siah 1b suivantes : 5'CAGTAAACCACTGAAAAACC3' et 5'CAAACCAAACCAAACCAC3'. Le produit de PCR sous-cloné est utilisé comme  
10 sonde contrôle de siah 1b. Les Northern blots sont exposés pendant 10 jours à - 80°C.

#### Slot blots

La reproductibilité des résultats obtenus par les analyses Northern blot. Les blots sont préparés (Bio-Rad, Hercules CA) en plaçant les produits  
15 de PCR (200 ng de Zeta-Probe Blotting Membranes, Bio-Rad, suivant les instructions du fabricant) de clones TSAP et hybridés avec une sonde ADNc marquée au P<sup>32</sup> (Superscript II Gibco-BRL, Life Technologies) correspondant à l'ARN des cellules LTR6 incubées à 37°C et ensuite 4 heures à 32°C. Le produit de PCR du clone contenant la cycline G est également déposé sur les  
20 membranes et utilisé comme contrôle positif. Les Slot blots sont exposés une nuit à - 80°C.

#### Analyse quantitative des images

Celle-ci est effectuée en utilisant un imageur 1200  $\beta$  (Biospace Instruments, Paris, France) sur les deux Northern blots (pour TSIP 1 et TSIP  
25 2) et sur les Slot blots pour tous les contrôles ADNsc et TSAP 1 à 8. Pour l'analyse quantitative représentée dans les graphiques de la figure 1 on soustrait un nombre constant de chaque pic. Cette constante est calculée en mesurant la valeur moyenne du bruit de fond dans les slots qui ne contiennent pas d'ADNc. Les résultats du  $\beta$  imageur ont été obtenus en  
30 comptant les slot blots une nuit et en les confirmant par autoradiographie avec des temps variables d'exposition. Ces autoradiogrammes montrent les mêmes variations qualitatives relatives entre les activités à 32°C et à 37°C que les mesures effectuées avec le  $\beta$  imageur.

#### Hybridation in situ (7, 8)

35 Les cellules sont lavées 3 fois dans un tampon phosphate salin (PBS) "cytospinned" et fixées par du paraformaldéhyde à 4 % dans PBS pendant 10 minutes puis conservées dans l'éthanol à 70 %. Des transcrits

d'ARN marqués à la digoxigénine-11-urédine-5'-triphosphate (DIG) et à la biotine-11-UTP de TSAP 3 sont utilisés dans les analyses suivant la procédure décrite précédemment (Boehringer-Mannheim). Pour la détection des souches marquées à la digoxigénine hybridée les tranches sont incubées dans SAD-10 (10 nm d'anticorps anti-DIG de mouton marqués à l'or à 1/1000 de dilution, Biocell UK). L'analyse est effectuée en utilisant de la microscopie à laser confocal.

#### EXEMPLE 1

L'étude différentielle des ADNc par la méthode de Liang et Pardee permet de disposer d'un outil très puissant et efficace pour détecter les variations dans l'expression des gènes. Néanmoins, il a fallu modifier le protocole original comme cela a été indiqué précédemment afin d'écarter certains problèmes de reproductibilité observés lorsque l'on applique la méthode telle qu'elle est décrite à l'origine.

On a pu mettre en évidence une reproductibilité totale lorsque dans la méthode PCR on introduit un "hot start" suivi par un "touch down".

Les bandes exprimées différentiellement après isolement et réamplification sont néanmoins souvent contaminées par des bandes provenant des ARN qui migrent dans les régions voisines de l'ADNc, si l'on utilise directement ces sondes sur des Northern blots ceci conduit à des erreurs. On a donc sous-cloné les produits de seconde PCR et fait effectuer les analyses des Northern blots utilisés à défaut de recombinant à sonde simple. Le séquençage systématique d'au moins 10 sous-clones recombinants pour chaque bande sélectionnée a montré qu'il était très efficace pour sélectionner les clones d'intérêt.

Le gène p53 est, dans l'état actuel de nos connaissances, le suppresseur tumoral qui est muté dans le plus grand nombre de cancers d'origines très diverses, et l'utilisation du mutant sensible à la température val-135 p53 s'est déjà montrée précédemment fournir des informations très importantes concernant le fonctionnement du p53 sauvage en induisant, soit l'arrêt de la croissance cellulaire en phase G-1, soit l'initiation du programme de mort cellulaire.

Jusqu'à maintenant, les voies moléculaires en amont et en aval de p53 et qui conduisent à la suppression tumorale étaient encore peu claires.

Jusqu'à maintenant un certain nombre de gènes en aval de p53 ont été identifiés, il s'agit notamment de gadd 45, mdm 2, mck, "Mouse endogenous retrovirus" LTR, p21-waf et Cycline G.

La présente invention a permis de mettre en évidence l'existence de 11 gènes qui sont exprimés différemment dans les cellules exprimant le p53 sous sa forme suppresseur actif ou bien dans des cellules tumorales exprimant le gène p53 non actif.

5 La figure 1 montre la quantification des signaux d'hybridation correspondant à l'expression différentielle de 8 de ces gènes qui sont activés à 32°C, c'est-à-dire dans lesquels la fonction de p53 sauvage est activée et conduit donc à l'apoptose des cellules, ces gènes qui sont activés seront  
10 dénommés ci-après TSAP (pour Tumor Suppressor Activated Pathway), par contre on constate que dans deux expériences 2 gènes exprimés à 37°C sont en partie inhibés à 32°C, ce qui impliquerait qu'ils sont inhibés durant la mort cellulaire programmée, ces gènes ont été dénommés TSIP (pour Tumor  
Suppressor Inhibited Pathway).

L'analyse des homologies des différentes séquences activées de  
15 TSAP 1 à TSAP 3 a montré qu'il s'agissait là de gènes déjà connus. Par contre, les autres ADNc TSAP 4 à TSAP 8 ne montrent aucune homologie significative avec des gènes connus.

Pour l'ADNc TSIP 1 qui est inhibé dans son expression pendant l'apoptose, il ne montre aucune homologie avec des gènes connus.

20 Pour l'ADNc TSIP 2 qui est également inhibé dans son expression pendant l'apoptose, il montre une grande homologie avec le transcript S182 du gène AD3 impliqué dans les voies métaboliques de la maladie d'Alzheimer (Sherrington et al.) (figure 8).

25 Par conséquent, il est possible d'agir sur les voies métaboliques de la maladie d'Alzheimer en agissant sur les voies métaboliques p53 dépendantes.

La présente invention a donc également pour objet, à titre de médicament, un composé assurant l'expression cellulaire de TSIP 2 destiné au traitement de la maladie d'Alzheimer ainsi qu'à titre d'agent de diagnostic  
30 pour la détermination de la prédisposition à la maladie d'Alzheimer, tout ou partie de la séquence de TSIP 2 à utiliser comme sonde nucléotidique ou comme amorce d'amplification ainsi qu'un antigène correspondant à tout ou partie des protéines codées par TSIP 2 ou les anticorps, notamment les anticorps monoclonaux correspondants, éventuellement après culture.

35 L'hypothèse que l'on peut faire sur ces gènes inhibés dans leur expression par le p53 sauvage est qu'ils peuvent coder pour des séquences oncogéniques qui seraient régulées en aval du processus de suppression

tumorale ou encore qu'il s'agit de protéines de structure ou du cytosquelette pour lesquelles la régulation en aval de l'expression est concomitante de la mort cellulaire par apoptose.

TSAP 1 est homologue à la phospholipase C bêta 4 de rat. La  
5 séquence de TSAP 1 présente 100 % d'identité avec la PLC entre les  
nucléotides 3967 et 3985 ; 82 % entre les nucléotides 3986 et 4116 et 85 % entre  
les nucléotides 4070 et 4220 (figure 4). La PLC est connue pour être impliquée  
dans la voie de signalisation des récepteurs de la tyrosine-kinase, et  
pour catalyser l'hydrolyse du phosphatidylinositol-4,5-biphosphate en  
10 diacylglycérol et inositol-1,4,5-triphosphate. Toutefois, la présente étude  
suggère que la PLC est une cible en aval dans l'apoptose à médiation p53.

TSAP 2 montre des séquences conservées (92 % d'identité entre les  
nucléotides 259 et 299 ; 100 % d'identité entre les nucléotides 418 et 458 et 92 %  
d'identité entre les nucléotides 645 et 685) avec la protéine digitée au zinc  
15 (ZFM 1) qui est localisée dans le locus Multiple Endocrine Neoplasia (MEN 1)  
(figure 5). MEN 1 est un désordre dominant autosomal associé avec le  
développement de tumeurs affectant le lobe antérieur des glandes pituitaires  
et parathyroïdes et les cellules des ilots pancréatiques. Il est particulièrement  
intéressant d'avoir mis en évidence qu'à la fois ZFM et une isoenzyme de PLC  
20 sont colocalisés dans la même région chromosomique 11q13 contenant le  
gène de susceptibilité à MEN 1. Chez la souris, les régions homologues sont  
localisées sur le chromosome 19B. Le fait de trouver que TSAP 1 et TSAP 2 sont  
activés en réponse à p53 peut suggérer que ces gènes appartiennent à une  
voie de suppression des tumeurs plus globale et que p53 peut coopérer avec  
25 MEN 1.

TSAP 3 est identique à Siah 1b. Ce gène est l'homologue chez les  
vertébrés du gène *Drosophila* seven in absentia (sina). Le clone décrit  
présente 94 % d'identité avec l'homologue murin (nucléotides 1496 à 1634)  
(figure 6). Par analyse Northern blot en utilisant une sonde TSAP 3, on a pu  
30 détecter une expression différentielle d'un messager de 1,9 kb de ce gène  
(figure 2A). Ceci est confirmé en utilisant une seconde sonde correspondant à  
la même région de la séquence siah 1b décrite (figure 2B). La figure 2C  
montre la distribution tissulaire de ce gène en utilisant une sonde TSAP 3 qui  
détecte à la fois l'ARNm de 1,9 et de 2,4 kb correspondant aux résultats  
35 mentionnés précédemment lorsqu'une sonde siah est utilisée. L'hybridation  
in situ montre que l'ARNm de TSAP 3 est induit rapidement 1 heure après  
l'induction de l'apoptose (figure 3D). Son expression augmente après 2 et



4 heures (figures 3E et 3F). Dans les cellules qui sont entrées en mitose aucun signal n'est détecté.

Carthew et Rubin ont montré que *seven in absentia* est nécessaire pour le développement de l'oeil de la drosophile. D'autre part, des mutants de ce gène dans la drosophile montrent un rôle beaucoup plus général dans le développement. L'homologue murin est subdivisé en deux groupes *siah 1* et *siah 2* et ces protéines montrent un degré de conservation tout à fait inhabituel par rapport à *drosophila seven in absentia*.

Nos résultats ont montré que TSAP 3 / *siah 1b* est activé dans le programme de mort cellulaire dans les cellules M1 induites par le gène suppresseur de tumeur p53. Comme ce gène code pour une protéine digitée au zinc nucléaire, il pourrait être un facteur de transcription régulateur qui est en aval du signal de p53. Les résultats montrent également un lien direct entre les gènes concernant le développement chez la drosophile et une voie majeure de suppression tumorale.

#### EXEMPLE 2

En utilisant le fragment d'ADNc murin (TSAP 3), décrit ci-dessus, obtenu par analyse différentielle d'ARNm, on a constitué une sonde pour isoler un fragment de 1,1 kb d'une librairie d'ADNc humain qui ensuite a été expansé jusqu'à la région codante entière par une RACE-PCR.

La figure 7 montre l'ADNc et la séquence d'acides aminés du gène humain *sina* (TSAP 3).

Cette séquence code une protéine de 282 amino-acides avec un motif digité au zinc C3HC4. Cette protéine présente également des analogies avec des protéines capables de se fixer sur l'ARN. La séquence en amino-acides est très conservée entre la Drosophile, la souris et le gène humain (figure 7).

La distribution tissulaire indique que le *sina* humain est exprimé de façon ubiquitaire et code pour un ARNm de 2,3 kb et, dans le placenta, il existe un transcrit additionnel de 2,5 kb.

En analysant des YAC du CEPH et des librairies BAC par PCR, en utilisant des amorces *sina* humains spécifiques, on a pu isoler 8 YAC (350-1000 kb) et 2 BAC (100 et 125 kb).

La fluorescence par hybridation in situ (FISH) utilisant les clones YAC et BAC montre que le *seven in absentia* est localisé sur le chromosome 16q12-13, c'est-à-dire dans une région contenant les gènes suppresseurs de tumeurs candidat dans différents cancers, notamment : cancer du sein (9),

tumeur de Wilm's (10-12), syndrome de Laurence-Moon-Bard et-Biedl (13), syndrome de Beckwith-Wiederman (14).

Comme cela a été indiqué dans la demande de brevet français N° 95 15 146, on a trouvé que des transfectances stables de cellules M1  
5 murines avec le mutant p53 sensible à la température montraient l'activation de seven in absentia après induction de l'apoptose à 32°C. Etant donné que le TSAP 3 murin a été isolé dans un modèle d'apoptose induit par le gène p53, il était logique d'approfondir l'analyse du gène TSAP3 (HUMSIAH) dans un modèle d'apoptose physiologique humain.

10 Ce modèle est décrit dans l'intestin où les cellules migrent du fond de la crypte vers la région apicale des vilosités où elles meurent par apoptose avant d'être larguées dans le lumen. Ces cellules en apoptose sont spécifiquement marquées par la technique TUNEL.

D'autre part, ces mêmes cellules sont positives par hybridation in  
15 situ pour le gène TSAP 3 (HUMSIAH) dans l'apoptose physiologique chez l'humain.

Enfin, afin d'investiguer l'implication du gène TSAP 3 humain dans la suppression des tumeurs, on a utilisé un modèle basé sur l'ensemble des gènes plutôt que sur un seul gène. Ce modèle repose sur les propriétés  
20 biologiques du parvovirus H-1.

Des recherches très complètes dans ce domaine ont montré sur les 20 dernières années que le parvovirus tue préférentiellement les cellules tumorales alors qu'il épargne leur contrepartie normale.

De façon à élaborer un modèle, on a fait l'hypothèse suivante : s'il  
25 était possible de sélectionner, à partir d'une tumeur qui soit sensible à l'effet cytopathique du parvovirus H-1, les cellules qui étaient résistantes, cette résistance pourrait être due à un changement de leur phénotype malin. Ceci a pu être démontré pour les cellules KS sélectionnées à partir des cellules érythro-leucémiques K562 humaines. Tandis que les cellules parentales K562  
30 sont sensibles à l'effet cytopathique du parvovirus H-1, les cellules KS, elles, sont résistantes. Ces cellules résistantes réexpriment le type sauvage de p53 et ont un phénotype supprimé à la fois in vitro et in vivo.

Pour confirmer ces observations sur d'autres cellules, on a sélectionné, à partir d'un monoclonal d'une leucémie monocyttaire U937  
35 humaine, les cellules filles US3 et US4. Ces clones sont résistants à l'effet cytopathique des parvovirus H-1 et montrent une réversion du phénotype malin in vivo. L'analyse de marqueurs de surface pour 20 cellules, indique

qu'il n'y a pas de déplacement dans le stade de différenciation entre U937 et les clones US indiquant que la suppression du phénotype malin n'est pas due à une différenciation terminale.

5 Ni les cellules K562 ni les cellules U937 n'expriment p53. Par contraste aux cellules KS qui réexpriment p53, les cellules US3 et US4 ne réexpriment p53. Toutefois, on a pu mettre en évidence le fait que les cellules US3 et US4 montraient l'activation de WAF-1 par rapport aux cellules parentales malignes U937. Une telle activation de WAF-1 dans une voie indépendante de p53 alternative a été récemment décrite et les résultats  
10 actuels montrent que les clones US3 et US4 utilisent, semble-t-il, cette voie alternative WAF-1.

Le gène sina est activé par le type sauvage p53 inductible dans les cellules M1 de même que dans les cellules KS qui réexpriment le type sauvage p53.

15 Tandis que les cellules parentales U937 expriment très légèrement l'ARNm de sina, il est activé dans les clones filles US3 et US4 qui ont une réversion de leur phénotype malin et qui réexpriment p21<sup>waf-1</sup>.

De façon intéressante, sina est activé dans les cellules qui deviennent apoptotiques, comme cela est montré par un double marquage  
20 utilisant une sonde sina pour hybridation in situ combinée avec un essai TUNEL

Ceci permet de démontrer que le gène sina humain qui est très conservé dans la phylogénie joue un rôle dans l'apoptose et la suppression tumorale.

25 De façon encore plus importante, sina se situe au croisement des voies de p53 et de WAF-1.

En outre, en utilisant le modèle de U937 et US3 et US4, on a pu montrer un lien fonctionnel pour les molécules suppresseurs en utilisant un modèle biologique global qui permet la comparaison à des niveaux  
30 moléculaires entre les cellules malignes parentales et les cellules filles directement dérivées. Ces expériences indiquent qu'il n'est pas nécessaire de transférer les gènes suppresseurs de tumeur humains spécifiques de façon à leur conférer le phénotype suppresseur, mais que la réversion tumorale est sous le contrôle d'un système de régulation qui est toujours présent dans le matériel génétique des cellules tumorales bien qu'il soit nécessaire de le  
35 réactiver.

TABLEAUCARACTERISTIQUES DES CLONES

5		<u>Clone à expression différentielle</u>	<u>Amorces 3' et 5' *</u>	<u>Taille de l'ARNm en kb</u>	<u>Homologie</u>
		TSAP 1	T11GC-16	2,0 et 4,5	PLC #
		TSAP 2	T11GC-5	5,9	MEN1 §
10		TSAP 3 (IDS N° 3)	T11CG-4	1,9	siah 1b ¶
		TSAP 4	T11GC-6	5,0	Non
		TSAP 5	T11CG-5	1,2	Non
		TSAP 6	T11AG-1	2,8	Non
		TSAP 7	T11GC-16	> 8,0	Non
15		TSAP 8	T11GC-6	> 10,0	Non
		TSIP 1	T11CG-8	3,0	Non
		TSIP 2	T11AA-5	3,1	AD3 *

\* Les chiffres et les séquences des amorces en 5' correspondent à ceux  
20 rapportés par Bauer et al. (4)

# Rat phospholipase C-béta 4 ARNm (RATPHOSCB)

§ ARNm humains (HUMMEN1C; HUMZFEN1C; HUMZFEN1A; HUMMEN1A)

¶ siah-1B ARNm (MMSIAH1B)

\* AD3, transcript S182 ARNm murin (homologue S182 ARNm humain)  
25 (Sherrington et al.).



```

      140      150      160      170      180      190
TSAP 1  GACAGCATCACAAGCCAGTGGGCTTGGTGATAACAACCTCTGCTTTGTGGTGCATTAGGAC
      ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
5  ratPLC GACAGCATCACAAGCCAGTGGGCTTGGTGATAACAACCTCTGCTTTGTGGTGCATTAGGAC
      4130      4140      4150      4160      4170      4180

      200      210      220      230
10 TSAP1 1 ATTTTGTAGCTGCTGCTGCTGCAAA-AAAAATAAGAGCCG
      :: :: :::::::::::::: :: :: :: :: :: :: :: ::
      ratPLC ATGTTGAGCTGCTGCTG--GAAAAGGAAAATTAGTGCATTAGTACTTTAATGGCAAGCG
      4190      4200      4210      4220      4230      4240

```

## 15 INFORMATION POUR LA SEQ ID N° : 2

## (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

20 (D) CONFIGURATION : linéaire

## (ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

## (ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 2

(B) EMPLACEMENT:

## 25 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 2 :

## TSAP2

```

10      20      30      40      50      60
30 TSAP2 GCTTGGAACCAATCTACAACAGCGAGGGGAAGCGGCTTAACACCTCGAGAGTTCCGTACCC
      :: :: :::::::::: ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
humzfm1c.seq CCCCTGAGCCCATCTACAATAGCGAGGGGAAGCGGCTTAACACCCGAGAGTTCCGCACCC
      250      260      270      280      290      300

```

```

              70          80          90          100          110          120
TSAP2          GCAAAAAAAAAAATCTCTGTGTTTTCTTAAGCTTTTCCTGTGCTAGGGAAAGATCAGT
              : : : : : :
5  humzfmlc.seq GCAAAAAGCTGGAAGAGGAGCGGCACAACCTCATCACAGAGATGGTTGCACTCAATCCGG
              310          320          330          340          350          360

              130          140
10 TSAP2          AAGTCCGTGTTATAGATTGGTT

              humzfmlc.seq ATTTCAAGCCACCTGCAGATTACAAACCTCCAGCAACACCTGTGAGTGAT
              370          380          390          400          410

```

- 15    INFORMATION POUR LA SEQ ID N° 3
- (i)    CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A)    LONGUEUR:
- (B)    TYPE: nucléotide
- (C)    NOMBRE DE BRINS: simple
- 20         (D)    CONFIGURATION : linéaire
- (ii)    TYPE DE MOLECULE : ADNc
- (ix)    CARACTERISTIQUE:
- (A)    NOM/CLE: TSAP 3
- (B)    EMPLACEMENT:
- 25    (xi)    DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 3 :

```

TSAP3
10
TSAP3 3
30
                                     TTTTTTTTTTTGG
                                     : : : :
mmsiah1b.seq TTGTAAAATATTTCTGAACTTTGTATTTGTTGTAGATTGATTGTATTGTTGACAATTTT
              1450          1460          1470          1480          1490          1500

```

20 30 40 50 60 70

TSAP 3 CGGGGTGGGGGTGTGCCTGCACACATGCCGTGCACGTGTGTGCTTGCTTTTCCTTTAACAA  
.....

5 mmsiah1b.seq CGGGGTGGGGGTGTGCCTGCACACATGCCGTGCACGTGTGTGCTTGCTTTTCCTTTAACAA  
1510 1520 1530 1540 1550 1560

80 90 100 110 120 130

10 TSAP 3 GCCATCTACGTGTCATAGCCCACTGTTTTCCCTTGTGAGTCAACACATAGTGCTGCTGT  
.....

mmsiah1b.seq GCCATCTACGTGTCATAGCCCACTGTTTTCCCTTGTGAGTCAACACATAGTGCTGCTGT  
1570 1580 1590 1600 1610 1620

15

140

TSAP3 GCTTTGGGTTTGCT  
.....

20 mmsiah1b.seq GCTTTTGCTTTGCTTTGCTTTTGGTTTTGATCTCTCTGTATTTGATAATTTTATTCTA  
1630 1640 1650 1660 1670 1680

25

30

35



## INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 4

## (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

5 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

## (ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 4

10 (B) EMPLACEMENT:

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 4 :

**TSAP4**

AACTCCGTCG TGGGTGTGGG GACCTAATTC CTTATATTTT TACAACAAGC ACTGTACAAA 50  
 15 CTGTGCCTTT CCCTAATGCA GTTATACTAT TTCCATTAAG ATGGGTAACC TTAGTTAAGG 120  
 CTTTATATTC ACTGCCATGG GTAGGAATGC TCACGGTGAA TGGGCCAACT TGTGATGGAA 180  
 GAGGCCCTCA TTTTCAGTTG GC 202

## 20 INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 5

## (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

25 (D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

## (ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 5

(B) EMPLACEMENT:

## 30 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 5 :

## TSAP5

	TAACAAGGAT ATTCAGGTTC GGGATTGCTT TCCTAAGCGA TGATCTCAAC CTCCACGTGG	60
5	AACTGATTTC CCAAGGGACA GAAATGGTCT TTGATCTTTC TGAACCACTT GTCTTCAAAC	120
	TCTTTGGAGG ACGCAACCAC CATGGCAGTC AGGGCTCCGG GGCCACACACA CTTCACCTCC	180
	GAATGAAGCT CCTCTTTTAT CTTTCTGGG ACAATGTCTT CCCCCATAGC CTCCTCCATC	240
	AACAGCAAAG TACCTTCCCT AAAGTTGAAG TCCTTCACTT TCCCTGCAAT TTCCTGCTGA	300
10	GTCCTCAAGT TCTTCTCCAA CGCGAATGAT GTTTGCTGAG ACTGGGCGAG CTGAASCAGG	360
	AGCCTGGCGC GGAGCAAAAA GGCGCATGCT TTCCTCCGAG CCTCCATCTG TGCCTCTTCC	420
	CTCCGCCCTTG CCAGGGAAGG CATATTCTC CTGAGCACTA CCACTCGCTT CCACGGAGAG	480
	CAGTGCATTTC TCAGGCAAGG TCGTGGGCAA AGACAAAAGA GAGCCTGTTC CCGAGTGTAC	540
15	AGAGGAGGGA CCGACGGCCT TGTCACCTGA GGCAGAACTC TTCTGTCCCT GCGGTGACAC	600
	CCTGCTGGCA GSCCGGGCCC TGGACTCAGG TATGCCCTCTG CCAGCTTACA CCAGCTCCAC	660
	GGGTTGAGCG GGTGCAAAGC AATCAGCTTG TGCAGGCAGA AGATCGTGTG CTCCTGGCTC	720
	TGCAGGCTGG AAAAGACGSC CAGGTGGAGC TGGAGCACA CCGTCAGATG GTCTGTCTTG	780
20	GTGGCTTTGC TTTCCAAGTC TGCCGCCATC TCCAGCGCCT CCTCATGCCT CCCAAGTGAG	840
	CCAGACACCG AGCCTGGCCT TCTTGGACAT CCCTTTTCAT GGCAAAATTA GTAGATGCTA	900
	ATGTTGGSAG ATATGSAGTA TTCCTGCAGG GCTTCTCTGT ATTCCTGTCT TCTGTAGGCC	960
	AGGTCCCCCTC TGAATTTCTT GAGAGTGAGA ACTTCAATAT CGTCACTACA TTCTGTCTCT	1020
25	TCATAAAACC ATGCGGCTCG CAGAGCTTGG CGCGGTAGGG GGAGGGCGGC TCGGGCCGGC	1080
	GCTCCGGCCT CTGCTCGAAC ACCGAGTCCT CAAATTCGCC GCCCAGCACC CAGCATCCGG	1140
	TCTCCATCSC GCGGAAGTGC AACTGGACCT CGAAACGAGG CGACACCTAG ASCGACGCCC	1200
30	ATCACCACGC CTCCAAAGCG CCGACAGCA GCCCGSCCAA GGCTGCCGAG GCAAGGTAGA	1260
	GACCTGCCCG GCGGGCCGCT CGAGCCCTAT ACTGAGTCST ATTAGGATGG	1310

## INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 6

## (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR:  
 (B) TYPE: nucléotide  
 5 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 (D) CONFIGURATION : linéaire

## (ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

## (ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: TSAP 6  
 10 (B) EMPLACEMENT:

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 6 :

## TSAP6

15	GTGAGTACAT ATCACATGTA TGGGGTGTCA TTCTGAGTAT GTCAGTTTAC ACCTGCATCC	50
	CAGGAATTAG GATCTCAGCC ACCCAGGCAT ATATCATCAC CTCGCTGTGC AGCATCCAGA	120
	AAAGAGACCC GAACCCAGCT CAGGGCCCCC ACAAGCCATC TCCACTTCCA GGGCCTCACA	130
	CGTGGCTTGT TTTCTCCCCC TGTGTGTGGT CGCCGGACAG CATGAAGTTG ACAGCCCCAT	240
20	CTTTCTCCCA GGGCCTGCGG ATCTTGGTGA GTCTGCGGTT TGAGGCAGGG CAGGAGGAAG	300
	AGGCCCTTGG CCAGGATGAT TCACACAGGG GCAAGGAGCA GCGTGAGTGT GGAATGTGGG	350
	GCGGGCAGGT AGAAGTTGAT AGTGCTTTT CTTCACAAAAG GCACGGGTCC AGCCGTAGCT	420
	GAGTGTGTGC ATTGTGCTGA GTATCAGGGC CACGAAGCCC AGTGTGGACT GCACGAAGCT	430
25	GAAGTCTTTC CAGTTGAGGG AATTAGCAAT GGACGGGAGC GAGGTGACAG CCAGCAGCGA	540
	CAACATGCCC AGGGCCAGCA CACCCAGGGA CAGGTATATC TCCATCCTCC AGACTTCTTC	600
	CTCAGCCCCAG AGGCGGCTCT TGTGGGCCAG GACCTGCTTC ACAGCCAGAT TGACCAGGTC	650
	GTAGGCGGTG GGAGCGGCGC AGCGGCAGGC AGAAGCTGTA GAGAGCGTCC AGCATCGCGA	720
30	AGAAGAAGCT GAGCAGCCCC ATCTGCTTGC GATGCTGCAG CCAGTGGTCC AGCCAGTCTC	780
	GGAAGCGCTG GACTTGCTC CCCCTCCGCA GCTGAAGCCG AGCTGCCAGC ACACCGGGCA	840
	GGTACACTAG GGACAGCAGC ACATAAGCCA CACAGGGTAG TGTGGTGTTC ACCACAGACA	900
	AGGCCATCTT GTAAAGCTTG TTCTCATCTT TCCGAATGTA TGGGTGTANA AGCTCCCGGA	950
35	TGAAATTGTA GGTGTANAAN CACACAAAGA CCCCAGTGCC CAGGAAGGTC GGGCCCTTCC	1020

AGAATGGAAG GAAGCNCAGG GGTTCNGCTT CTACCTCCCT CACTGAAGCC CANGGATCCA 1080  
 TNTCCAGGGG TTNAACCAT NGGGCGTGCA TCTCTGAAA TGGTCNCTT GNTTCTGGT 1140  
 GATCANTGCA AATAACNCCT GCCTGTTCN TCCCTTGGGG CCACCCTNTT GGGGCCATGC 1200  
 5 CAA 1203

## INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 7

## (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR:  
 10 (B) TYPE: nucléotide  
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 (D) CONFIGURATION : linéaire

## (ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

## (ix) CARACTERISTIQUE:

- 15 (A) NOM/CLE: TSAP 7  
 (B) EMPLACEMENT:

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 7 :

## TSAP7

20 GCGCATCCAG TCATTCTTTA TTTCAGTGTG TGAAAGCCTC CTACGCATTT TCCGCCAAT 60  
 TAATTTTAA TCCATTTTCA AACCAGCCTT TACTGTGGCC TTTTCTGCTA TTTTGGATAT 120  
 ATGTTAGCAC GTGTGCATAG 140

## 25 INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 8

## (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR:  
 (B) TYPE: nucléotide  
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 30 (D) CONFIGURATION : linéaire

## (ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

## (ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: TSAP 8  
 (B) EMPLACEMENT:  
 35 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 8 :

27

**TSAP8**

CACGTNAAAG TACCACATCC NCCCCCATTTG GTAGATATTG ANAGAGTATA TANATAGGNC 60  
 GAAGCACAAT CTCTTCCCTT CCTNTGTACA CCTCANACCC AGTGACTTCC NACCNAAGCN 120  
 5 CNTGANTGTN TTTGTNGATA TGAGTGTCTG NGTGTGTGNA TNTGCGTCTC ACATGTATGG 180  
 GACGACCNAC CCCACCCCA GCGGCCTTCA NGCACAATNG AGGACGCCTA TNGTGGATAC 240  
 GNGCATCGGT\_AAAANAGC 257

## INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 9

- 10 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
 (A) LONGUEUR:  
 (B) TYPE: nucléotide  
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 (D) CONFIGURATION : linéaire  
 15 (ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc  
 (ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: TSIP 1  
 (B) EMPLACEMENT:  
 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 9 :

20 **TSIP1**

GGAGGGGGTC TAGCTTTCTC TTTAGTTATC ACTCTGAGGT GTCAGGTCA CAGAGAAGGG 60  
 ACTTAATTGG GAAGGTCATC TGATTCCGGC CATCTTCTCT CCCTTTACCA A 111

## 25 INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 10

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
 (A) LONGUEUR:  
 (B) TYPE: nucléotide  
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 30 (D) CONFIGURATION : linéaire  
 (ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc  
 (ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: TSIP 2  
 (B) EMPLACEMENT:  
 35 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 10 :

## TSIP2

	CACCGGTGAGACCTCTAGGGCGGGCCTAGGACGACCTGCTCCGTGGGCCGCGAGTATTC	60
	CTCGGAAACAAAACAGCGGCAGCTGAGGCGGAAACCTAGGCTGCGAGCCGGCCGCCCGGG	120
5	CGCGGAGAGAGAAGGAACCAACACAAGACAGCAGCCCTTCGAGGTCTTTAGGCAGCTTGG	180
	AGGAGAACACATGAGAGAAAGAATCCCAAGAGGTTTTGTTTTCTTTGAGAAGGTATTTCT	240
	GTCCAGCTGCTCCAATGACAGAGATACCTGCACCTTTGTCTACTTCCAGAATGCCCAGA	300
	TGTCTGAGGACAGCCACTCCAGCAGCGCCATCCGGAGCCAGAATGACAGCCAAGAACGGC	360
10	AGCAGCAGCATGACAGGCAGAGACTTGACAACCCTGAGCCAATATCTAATGGCCGGCCCC	420
	AGAGTAACTCAAGACAGGTGGTGGAAACAAGATGAGGAGGAAGACGAAGAGCTGACATTGA	480
	AATATGGAGCCAAGCATGTCATCATGCTCTTTGTCCCCGTGACCCTCTGCATGGTCGTCG	540
	TCGTGGCCACCATCAAATCACTCAGCTTCTATACCCGGAAGGACGGTCAGCTAATCTACA	600
	CCCCATTCACAGAAGACACTGAGACTGTAGGCCAAAGAGCCCTGCACTCGATCCTGAATG	660
15	CGGCCATCATGATCAGTGTCATTGTCTATTATGACCATCCTCCTGGTGGTCTCTGTATAAT	720
	ACAGGTGCTACAAGGTCATCCACGCCTGGCTTATTATTTTCATCTCTGTTGTTGCTGTTCT	780
	TTTTTTCGTTTCAATTTACTTAGGGGAAGTATTTAAGACCTACAATGTCGCCGTGGACTACG	840
	TTACAGTAGCACTCCTAATCTGGAATTTTGGTGTGGTCGGGATGATTGCCATCCACTGGA	900
20	AAGSCCCCCCTTCGACTGCAGCAGGCGTATCTCATTATGATCAGTGCCCTCATGSCCCTGG	960
	TATTTATCAAGTACCTCCCCGAATGGACCGCATGGCTCATCTTGGCTGTGATTTCAGTAT	1020
	ATGATTTGGTGGCTGTTTTATGTCCCAAAGGCCCACTTCGTATGCTGGTTGAACAGCTC	1080
	AGGAAAGAAATGAGACTCTCTTTCCAGCTCTTATCTATTCTCAACAATGGTGTGGTTGG	1140
	TGAATATGGCTGAAGGAGACCCAGAAGCCCCAAGGAGGGTACCCAAGAACCCCAAGTATA	1200
25	ACACACAAAGAGCGGAGAGAGAGACACAGGACAGTCGTTCTGGGAACGATGATGGTGGCT	1260
	TCAGTGAGGAGTGGGAGGCCCAAAGAGACAGTCACCTGGGGCCTCATCGCTCCACTCCCG	1320
	AGTCAAGAGCTGCTGTCCAGGAACCTTTCTGGGAGCATTTCTAACGAGTGAAGACCCGGAGG	1380
	AAAGAGGAGTAAACTTGGACTGGGAGATTTTCATTTTCTACAGTGTTCTGGTTGTAAGG	1440
30	CCTCAGCAACCGCCAGTGGAGACTGGAACACAACCATAGCCTGCTTTGTAGCCATACTGA	1500
	TCGSCCTGTGCCTTACATTACTCCTGCTCGCCATTTTCAAGAAAGCGTTGCCAGCCCTCC	1560
	CCATCTCCATCACCTTCGGGCTCGTGTTCTACTTCGCCACGGATTACCTTGTGCAGCCCT	1620
	TCATGGACCAACTTGCATTCCATCAGTTTTATATCTAGCCTTTCTGCAGTTAGAACATGG	1680
	ATGTTTCTTCTTTGATTATCAAAAACACAAAAACAGAGAGCAAGCCCCGAGGAGGAGACTG	1740
35	GTGACTTTCCTGTGTCTCAGCTAACAAAGGCAGGACTCCAGCTGGACTTCTGCAGCTTC	1800
	CTTCCGAGTCTCCCTAGCCACCCGCACTACTGGACTGTGGAAAGGAAGCGTCTACAGAGGA	1860

## INFORMATIONS POUR LA SEQ ID N° : 11

## (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR:

(B) TYPE: nucléotide

5 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION : linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE : ADNc

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: TSAP 3 humain

10 (B) EMPLACEMENT:

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID N° 11 :

## TSAP3 humain

```

m s r g t a t a l p t g t s k c p p s q
atgagccgtcagactgctacagcattacctaccggtacctcgaagtgtccaccatccag
      10      20      30      40      50      60

15 r v p a l t g t t a s n n d l a s i f e
agggtgacctgacctgactggcacaactgcatccaacaatgacttggcgagttttttag
      70      80      90     100     110     120

c p v c f d y v l p p i l e c c s g h i
tgccagttctgtttgactatgtgtaccgcccattcttcaatgtccagagtgccattct
     130     140     150     160     170     180

v c s n c r p k l t c c p t c r g p l g
gtttgtagcaactgtcgcccaaagctcacatgttgtcccaacttgcggggccctttgga
    190     200     210     220     230     240

20 s i r n i a m e k v a n s v l f p c k y
tccattcgcaacttggctatggagaaaagtggttaattcagtaacttttccctgtaaatat
     250     260     270     280     290     300

a s s g c e i t l p h t e k a d h e e i
gggttttctggatgtgaaataactctgtccacacacagaaaaagcagaccatgaagagctc
    310     320     330     340     350     360

25 c e f r p y s c p c p g a s c k w q g s
tgtgagtttaggccttatttctgtccgtgacctgggtgttctctgtaaatggcaaggctct
     370     380     390     400     410     420

l d a v m p h i m h q h k s i t t l q g
ctggatgctgtaatgccccatctgatgcacacagcataaagtcacattacaacccctacagga
     430     440     450     460     470     480

30 e d i v f l a t d i n l p g a v d w v m
gaggatatagtttttctgtacagacattaatcttctctggtgctgttgactgggtgatg
     490     500     510     520     530     540

m g s c f g f h f m l v l e k q e k y d
atgcagtcctgttttgggttttcaacttcatgttagtcttagagaaacaggaaaaatcagat
     550     560     570     580     590     600

35 g h q q f f a i v q l i g t r k q a e n
gggtaccagcagtttttgcgaatcgtacagctgataggaacacgcaagcaagctgaaat
     610     620     630     640     650     660

```

f a y r l e l n g h r r r l t w e a t p  
 tttgcttaccgacttgagctaaatgggtcataggcgacgattgacttgggaaggagactcct  
 670 680 690 700 710 720  
 r s i h e g i a t a i m n s d c l v f d  
 cgatctattcatgaaggaattgcaacagccattatgaatagcgactgtcttagctcttgac  
 730 740 750 760 770 780  
 5 p a l h s f l q t n g n l g i n v t i s  
 ccagcattgcacagctttttgcagacaaatggcaatttaggcattcaatgtaaccatttcc  
 790 800 810 820 830 840  
 m c \*  
 atgtgttgaaatggcaatcaaacattttctggccagtggtttaaaacttcagttccacaga  
 850 860 870 880 890 900  
 10 aaataaggcaccatctgtctgccaacctaaaactcttttcggtaggtagaagctccgacat  
 910 920 930 940 950 960  
 gaaggccataaaaaagaaagactgctaaatacaggaaacagttccatgtagtaaccactaa  
 970 980 990 1000 1010 1020  
 tatattttaaaaataagtcaacagtaaacaccactgaaaaaatatatgtatatataccccaaga  
 1030 1040 1050 1060 1070 1080  
 15 tgggcattcttttgtatttaagaaaggaagcattgtaaaataattcttgagtttttggtttgt  
 1090 1100 1110 1120 1130 1140  
 tgtagattgattgtattgttgaaaaagtttggtttttgcgtgggagtggtgtccctgggtgg  
 1150 1160 1170 1180 1190 1200  
 ggtgtgtgggtgtttgggtttttttcttttaactgacaagccattcttgagtggtcatgggc  
 1210 1220 1230 1240 1250 1260  
 20 castgtttttcccttttgtgagtcacatcatagtgctgctgtgaagccgtttttgtgtgtat  
 1270 1280 1290 1300 1310 1320  
 ctgccaatttttattaattttcagtttttcattaaataaatttgactttttctgtaatttcag  
 1330 1340 1350 1360 1370 1380  
 gtttttcccttttttgtaccatttttaagttagttatcttttgatatggcatatttggttta  
 1390 1400 1410 1420 1430 1440  
 25 tggtaaaaaatttataacgggttcaatatattttctttttcccccattcaatcaagttccattgg  
 1450 1460 1470 1480 1490 1500  
 aaatatattttaaaaccagcctatttttgggtgaacccatgagttcccagaaagttaaagggtgac  
 1510 1520 1530 1540 1550 1560  
 acccggaataataatccaaaagcctattttaagccacctataaggtgccccctttctctg  
 1570 1580 1590 1600 1610 1620  
 30 tcttctacagatgagtcacaccttttgagccttaacctttgaaagggttagagaataaatt  
 1630 1640 1650 1660 1670 1680  
 gatattttataaataactgcataatccagggtttttgttttctttttccagatatctttggaca  
 1690 1700 1710 1720 1730 1740  
 aatcacatatattttaaaatttgtttctgtattttattgggttttgcagaagaaggcatctgtca  
 1750 1760 1770 1780 1790 1800  
 tgcacagttatttgaattaaaagcaaatcattttgttttaaaaggcagtttgcataaaat  
 1810 1820 1830 1840 1850 1860  
 35 gtttttgggttttttataatttctca  
 1870 1880



REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- (1) Liang P. & Pardee A.B. (1992) Science, 257, 967-971.
- (2) Don R.H., Cox P.T., Wainwright B.J., Baker K. & Mattick J.S. (1991) Nucl.  
5 Acids Res., 19, 4008.
- (3) Yonish-Rouach E., Resnitzky D., Lotem J., Sachs L., Kimchi A. & Oren M.  
(1991) Nature 352, 345-347.
- (4) Bauer D., Muller H., Reich J., Riedel H., Ahrenkiel V., Warthoe P. &  
Strauss M. (1993) Nucl. Acids Res. 21, 4272-4280.
- 10 (5) Sambrook J., Fritsch E.F. & Maniatis T. (1989) Molecular Cloning: a  
laboratory manual.
- (6) Okamoto K. & Beach D. (1994) EMBO J., 13, 4816-4822.
- (7) Angerer L. & Angerer R.C. (1991) Methods in cell biology : functional  
organization of the nucleus, 35, 37-71.
- 15 (8) Linares-Cruz G., Rigaut J.P., Vassy J., De Oliveira T.C., De Cremoux P.,  
Olofsson B. & Calvo F. (1994) J. Microsc., 173, 27-38.
- (9) Bieche I. and Lidereau R., Genes Chromosomes and Cancer 14, 227-251  
(1995).
- (10) Wang-Wuu S., Soukup S., Bove K., Gotwals B. and Lampkin B., Cancer  
20 Research 50, 2786-2793 (1990).
- (11) Maw M.A. et al., Cancer Research 52, 3094-3098 (1992).
- (12) Austruy E. et al., Genes, Chromosomes and Cancer, 14, 285-294 (1995).
- (13) Kuytek-Black A.E. et al., Nat. Genet 5(4) 392-396 (1993).
- (14) Newsham I. et al., Genes Chromosomes and Cancer 12(1). 1-7. (1995).
- 25 (15) Sherrington et al., Nature, vol. 375, p. 754-760 (1995).

REVENDICATIONS

- 1) Séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :
- 5 (a) une séquence selon l'une des IND.SEQ 4 à 11 ou  
un gène équivalent qui comporte :
- (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
- (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a)  
ou (b), ou
- 10 (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène  
selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente.
- 2) Séquence selon la revendication 1, caractérisée en ce que  
l'expression cellulaire du gène est induite lors de l'apoptose cellulaire.
- 3) Séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :
- 15 (a) une séquence selon l'une des IND.SEQ 1 et 3 ou  
un gène équivalent qui comporte :
- (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
- (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a)  
ou (b), ou
- 20 (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène  
selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente,  
caractérisée en ce que l'expression cellulaire du gène est induite par la  
suppression tumorale.
- 4) Séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant :
- 25 (a) une séquence selon l'une des IND.SEQ 2 ou  
un gène équivalent qui comporte :
- (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a),
- (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a)  
ou (b), ou
- 30 (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène  
selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente,  
caractérisée en ce que l'expression cellulaire du gène est induite par  
l'apoptose cellulaire.
- 5) Séquence selon l'une des revendications 1 à 4, caractérisée en  
ce que l'expression cellulaire du gène est induite par p53.
- 35 6) Séquence selon la revendication 2 ou 4, caractérisée en ce que  
l'apoptose cellulaire est induite par p53.

7) Séquence selon l'une des revendications 1 à 6, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain ou un gène équivalent.

8) Séquence selon la revendication 1, caractérisée en ce que  
5 l'expression cellulaire du gène est inhibée lors de l'apoptose cellulaire.

9) Séquence selon la revendication 8, caractérisée en ce que l'apoptose cellulaire est induite par p53.

10) Séquence selon l'une des revendications 1 et 8 et 9, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi TSIP 1 et TSIP 2 ou un gène équivalent.

11) Vecteur d'expression cellulaire d'une séquence selon l'une des revendications 1 à 10.

12) Vecteur d'expression selon la revendication 11, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un vecteur viral.

15 13) Vecteur selon la revendication 12, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un adénovirus, d'un rétrovirus, d'un virus herpès ou d'un poxvirus.

14) Vecteur selon la revendication 11, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un vecteur à acide nucléique nu.

20 15) Vecteur selon l'une des revendications 11 à 13, caractérisé en ce qu'il comporte une séquence assurant le ciblage et/ou l'expression spécifique des tissus ou organes.

16) Cellule transformée par un vecteur d'expression selon l'une des revendications 11 à 15.

25 17) Protéine pouvant être obtenue par culture de cellule transformée selon la revendication 16 et codée par la séquence selon l'une des revendications 1 à 10.

18) A titre de médicament, un vecteur selon l'une des revendications 11 à 15 ou une protéine selon la revendication 17.

30 19) A titre de médicament, un composé assurant l'expression cellulaire d'au moins une des séquences nucléotidiques selon l'une des revendications 1 à 7 ou de leurs produits.

20) A titre de médicament selon la revendication 19, un vecteur nucléotidique assurant l'expression cellulaire de ladite séquence.

35 21) A titre de médicament, un composé assurant l'inhibition de l'expression cellulaire d'au moins un gène cellulaire selon l'une des revendications 1, 8 à 10 ou de leurs produits.

22) A titre de médicament selon la revendication 21, un nucléotide activé assurant le blocage de la séquence nucléotidique.

23) A titre de médicament selon la revendication 21, un anticorps monoclonal dressé contre la ou les protéines codées par la séquence  
5 nucléotidique.

24) A titre de médicament destiné au traitement du cancer, un médicament selon l'une des revendications 18 à 23.

25) A titre de médicament destiné au traitement de la maladie d'Alzheimer, un médicament selon l'une des revendications 18 à 23.

10 26) A titre d'agent de diagnostic notamment pour la détermination de la prédisposition et le suivi des cancers, tout ou partie des séquences selon l'une des revendications 1 à 10 à utiliser comme sonde nucléotidique ou comme amorce d'amplification.

15 27) A titre d'agent de diagnostic notamment pour la détermination de la prédisposition et le suivi des cancers un antigène correspondant à tout ou partie des protéines codées par la séquence selon l'une des revendications 1 à 10 ou les anticorps correspondants.

20 28) A titre d'agent de diagnostic notamment pour la détermination de la prédisposition et le suivi de la maladie d'Alzheimer, tout ou partie des séquences selon l'une des revendications 1, 5, 7 à 10 à utiliser comme sonde nucléotidique ou comme amorce d'amplification.

25 29) A titre d'agent de diagnostic notamment pour la détermination de la prédisposition et le suivi de la maladie d'Alzheimer un antigène correspondant à tout ou partie des protéines codées par la séquence selon l'une des revendications 1, 5, 7 à 10 ou les anticorps correspondants.

30) A titre d'agent antiviral, un médicament selon la revendication 20.

31) Modèle pour la mise en évidence de médicament anti-cancéreux, des cellules selon la revendication 16.

30 32) A titre de perfectionnement de la méthode de Liang et Pardee le fait d'utiliser une diminution en palier lors de l'amplification PCR.

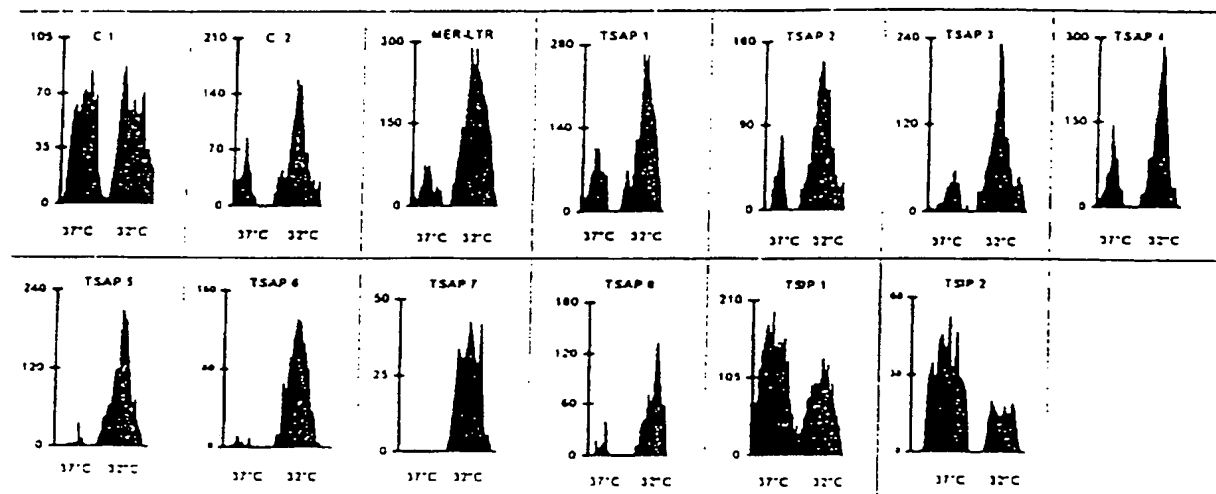


FIG. 1

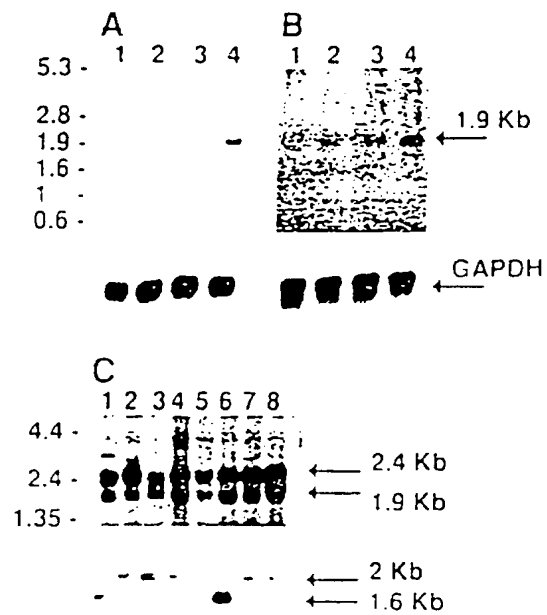


FIG. 2

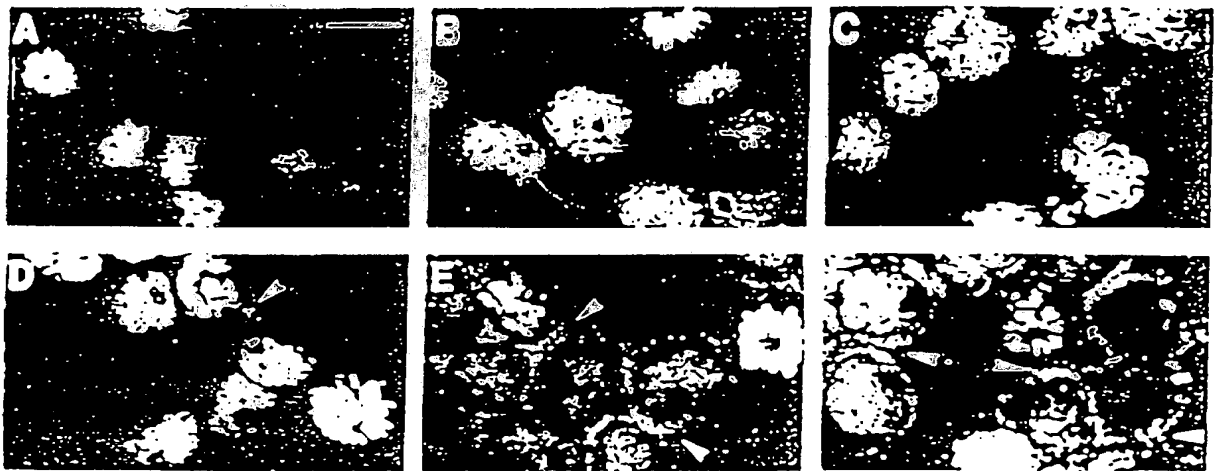


FIG. 3

4/16

## TSAP1

10.

TGATCACGTAC

$$\begin{array}{ccccc} \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \end{array}$$

FatPLC CTTCTTCTACTTAACAATTTGACTATTGAATTTCTTTGGCCAACCAAAAGTAGCTATGTAC

3970 3980 3990 4000 4010 4020

20                      30                      40                      50                      60                      70

**TSAP1** ACACACACACACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGGGGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAT  
:  
: :

Fat PLC ACACACACACACACACACACACA-----CACACACACACACAGAAAT  
4030 4040 4050 4060

60                      90                      100                      110                      120                      130

TSAP1 CCCCATTTCCTGACAGGCAGAGTTGAATCATGATATATGGCTTAACATGTTCCTATGA  
::: :::: : : : : :

FatPLC CCCCCTATTCCCTGACAGGCAGAGTTGAAACCATTAATCCACAACTTAAACATGTTGCGCTAGGG

4070 4080 4090 4100 4110 4120

140                      150                      150                      170                      180                      190

TSAP : GACAGCATCACAAGCCAGTGGGCTTGCGTATAACAATCTCGTTTGTGGTGCATTAGGAC  
:  
:

FatPLC GACAGCATCACAAGCCAGTGGGCTTGGTGATAACAACCTCTGCTTTGTGGTGCATTAGGAC

4130 4140 4150 4160 4170 4180

200                      210                      220                      230

TSAP1 1      ATTTTGTGAGCTGCTGCTGCTGCCAA-AAAAATAAGAGCCG

          :: :: : :::::::::::     : ::       ::::: :: ::

RatPLC ATGTTTCGAGCTGCTGCTG--GAAAAGGAAAATTASTGCATTACTACTTTAATGCCAAGCG

4190 4200 4210 4220 4230 4240

FIG. 4



FIG. 5

TSAP3

10

TSAP3 3

TTTTTTTTTTTC

::::

mmsiah1b.seq TTGTA AAAATATTTCTGAACTTTGTATTTGTTGTAGATTGATTGTATTGTTGACAAATTTT

1450 1460 1470 1480 1490 1500

20 30 40 50 60 70

TSAP 3 CGGGGTGGGGGTGTGCCTGCACACATGCCTGCACGTGTGTGCTTGGTTTTCTTTAACA

::::: ::::

mmsiah1b.seq CGGGGTGGGGGTGTGCCTGCACACATGCCTGCACGTGTGTGCTTGGTTTTCTTTAACA

1510 1520 1530 1540 1550 1560

80 90 100 110 120 130

TSAP 3 GCCATCTACGTGTCATAGCCCACTGTTTTCCCCTTGTGAGTCAACACATAGTCTGCTGT

::::: ::::

mmsiah1b.seq GCCATCTACGTGTCATAGCCCACTGTTTTCCCCTTGTGAGTCAACACATAGTCTGCTGT

1570 1580 1590 1600 1610 1620

140

TSAP3 GGTTTGGGCTTTGGT

::::: ::::

mmsiah1b.seq GGTTTGGGCTTTGGTTTTGCTTTTGGTTTTGATGTGTGCTATTGATAATTTTATTCTA

1630 1640 1650 1660 1670 1680

FIG. 6

```

HUMSIAH      -----MSROTATALPTGTSKCPPSQRVPAALTGTTASNN-----
MMSIAH1A_1   -----MSROTATALPTGTSKCPPSQRVPAALTGTTASNN-----
MMSIAH1B_1   -----MSRQAATALSTGTSKCPPSQRVPAALTGTTASNN-----
DROSINA_1     MSNKINPKRREPTAAAAGAGATGVATNTSTSTGSSSAGNTSSANTSSSSSSSSLSAGGOD
               * * * * *

HUMSIAH      -----DLASLFECPVCFDYVLPPIQCQSGHLVCSNCRPKLTCCPTCRGPLGSIIRNLANE
MMSIAH1A_1   -----DLASLFECPVCFDYVLPPIQCQSGHLVCSNCRPKLTCCPTCRGPLGSIIRNLANE
MMSIAH1B_1   -----DLASLFECPVCFDYVLPPIQCQSGHLVCSNCRPKLTCCPTCRGPLGSIIRNLANE
DROSINA_1     AGMSADLTSLFECPVCFDYVLPPIQCQSGHLVCSNCRPKLTCCPTCRGPLANIRNLANE
               * * * * *

HUMSIAH      KVANSVLFPCKYASSGCEITLPHTEKADHEELCEFRPYSCPCPGASCKWQGS�DAVMPHL
MMSIAH1A_1   KVANSVLFPCKYASSGCEITLPHTEKAEHEELCEFRPYSCPCPGASCKWQGS�DAVMPHL
MMSIAH1B_1   KVANSVLFPCKYASSGCEITLPHTEKAEHEELCEFRPYSCPCPGASCKWQGS�DAVMPHL
DROSINA_1     KVASNVKFPCKHSGYGCTASLVYTEXTEHEETCECRPYLCPCPGASCKWQGPDLVMPQHL
               * * * * *

HUMSIAH      MHQHKSITTLQGEDIVFLATDINLPGAVDWVWQSCFGFHFMLVLEKQEKYDGHQQFFAI
MMSIAH1A_1   MHQHKSITTLQGEDIVFLATDINLPGAVDWVWQSCFGFHFMLVLEKQEKYDGHQQFFAI
MMSIAH1B_1   MHQHKSITTLQGEDIVFLATDINLPGAVDWVWQSCFGFHFMLVLEKQEKYDGHQQFFAI
DROSINA_1     MMSHKSITTLQGEDIVFLATDINLPGAVDWVWQSCFGFHFMLVLEKQEKYDGHQQFFAI
               * * * * *

HUMSIAH      VOLIGTRKQAEINFAYRLELNGHRRRLTWEATPRSIHEGIATAINNSDCLVFEPSTIAQLFA
MMSIAH1A_1   VOLIGTRKQAEINFAYRLELNGHRRRLTWEATPRSIHEGIATAINNSDCLVFDTSTIAQLFA
MMSIAH1B_1   VOLIGTRKQAEINFAYRLELNGHRRRLTWEATPRSIHEGIATAINNSDCLVFDTSTIAQLFA
DROSINA_1     VOLIGSRKEAENFVYRLELNGNRRRLTWEAMPRIHEGVASAIHNSDCLVFDTSTIAQLFA
               * * * * *

HUMSIAH      ENGNLGINVTISMC
MMSIAH1A_1   ENGNLGINVTISMC
MMSIAH1B_1   ENGNLGINVTISMC
DROSINA_1     DNGNLGINVTISLV
               * * * * *

```

FIG. 7

1 mms182	10	20	30
3	-----	-----	-----
2 tsip2	CACCGGTGAG	ACCTCTAGGG	CGGGGCCTAG
	40	50	60
1 mms182	70	80	90
3	-----	-----	-----
2 tsip2	GACGACCTGC	TCCGTGGGCC	GCGAGTATTC
	100	110	120
1 mms182	-----acc	anacancggc	agctgaggcg
3	-----	-----	-----
2 tsip2	GTCGGAAACA	AAACAGCGGC	AGCTGAGGCG
	130	140	150
1 mms182	gaaacctagg	ctgcgagccg	gccgccccggg
3	-----	-----	-----
2 tsip2	GAAACCTAGG	CTGCGAGCCG	GCCGCCCCGGG
	160	170	180
1 mms182	cgcgagagaga	gaaggaacca	ecacaagaca
3	-----	-----	-----
2 tsip2	CGCGAGAGAG	GAAGGAACCA	ACACAAGACA
	190	200	210
1 mms182	gcagccccctc	gaggtctctta	ggcagcttggg
3	-----	-----	-----
2 tsip2	GCAGCCCCTC	GAGGTCTTTA	GGCAGCTTGG
	220	230	240
1 mms182	aggagaacac	atgagagaaa	gaatccccaag
3	-----	-----	-----
2 tsip2	AGGAGAACAC	ATGAGAGAAA	GAATCCCAAG
	250	260	270
1 mms182	agggttttgtt	ctctttgaga	aggtattttct
3	-----	-----	-----
2 tsip2	AGGTTTTGTT	CTCTTTGAGA	AGGTATTTCT
	280	290	300
1 mms182	gtccagctgc	cccaatgaca	gagatacctg
3	-----	-----	-----
2 tsip2	GTCCAGCTGC	TCCAATGACA	GAGATACCTC
	310	320	330
1 mms182	cacctttgtc	ctacttccag	aatgcccaga
3	-----	-----	-----
2 tsip2	CACCTTTGTC	CTACTTCCAG	AATGCCCAGA
	340	350	360
1 mms182	tgtctgagga	cagccactcc	agcagcgcca
3	-----	-----	-----
2 tsip2	TGTCTGAGGA	CAGCCACTCC	AGCAGCGCCA

FIG. 8

1 mms182	340 350 360	tccggagcca gaatgacagc caagaacggc
3		-----
2 tsip2		TCCGGAGCCA GAATGACAGC CAAGAACGGC
1 mms182	370 380 390	agcagcagca tgacaggcag agactcgaca
3		-----
2 tsip2		AGCAGCAGCA TGACAGGCAG AGACTTCACA
1 mms182	400 410 420	accctgagcc aatatctaataat gggcggccccc
3		-----
2 tsip2		ACCCTGAGCC AATATCTAAT GGGCGGCCCC
1 mms182	430 440 450	agagtaactc aagacaggctg gcggaacaag
3		-----
2 tsip2		AGAGTAACTC AAGACAGGCTG GTGGAACAAG
1 mms182	460 470 480	atgaggagga agacgaagag ctgacattga
3		-----
2 tsip2		ATGAGGAGGA AGACGAAGAG CTGACATTGA
1 mms182	490 500 510	aatatggagc caagcatgtc atcatgctct
3		-----
2 tsip2		AATATGGAGC CAAGCATGTC ATCATGCTCT
1 mms182	520 530 540	ttgtccccgt gaccctctgc atggtcgctcg
3		-----
2 tsip2		TTGTCCCCGT GACCCTCTGC ATGGTCGCTCG
1 mms182	550 560 570	tctgtggccac catcaaatca gtcagcttct
3		-----
2 tsip2		TCTGTGCCAC CATCAAATCA GTCAGCTTCT
1 mms182	580 590 600	atacccggaa ggacggtcag ctaatctaca
3		-----
2 tsip2		ATACCCGGAA GGACGGTCAG CTAATCTACA
1 mms182	610 620 630	ccccattcac agaagacact gagactgtag
3		-----
2 tsip2		CCCCATTCAC AGAAGACACT GAGACTGTAG
1 mms182	640 650 660	gccaaagagc cctgcaactcg atcctgaatg
3		-----
2 tsip2		GCCAAAGAGC CCTGCACTCG ATCCTGAATG

FIG. 8 (suite)

FEUILLE DE REMPLACEMENT (REGLE 26)

1 mms182	cggccatcac gaccagtgcc attgtcatta	670 680 690
2 tsip2	CGGCCATCAT GATCAGTGTC ATTGTCATTA	
1 mms182	tgaccatcct cctgggtggc cctgtataaat	700 710 720
2 tsip2	TGACCATCCT CCTGGTGGTC CTGTATAAAT	
1 mms182	acagggtgcta caaggtcatt caccgctggc	730 740 750
2 tsip2	ACAGGTGCTA CAAGGTCATC CACGCTGGC	
1 mms182	ctattatttc atctctgttg ttgctgttct	760 770 780
2 tsip2	TTATTATTTC ATCTCTGTTG TTGCTGTTCT	
1 mms182	ctctctcgct cacttacctt ggggaagtat	790 800 810
2 tsip2	TTCTTTCGTT CATTCTACTT GGGGAAGTAT	
1 mms182	ctaagacctt caatgtcgcc gtggactacg	820 830 840
2 tsip2	TTAAGACCTA CAATGTGCGC GTGGACTACG	
1 mms182	ctacagttag acctcctaatt cggaaatttg	850 860 870
2 tsip2	TTACAGTAGC ACTCCTAATC TCGAATTTTC	
1 mms182	gtgtgggtgg gatgatggc atccactgga	880 890 900
2 tsip2	GTGTGGTGCG GATGATGGCC ATCCACTGGA	
1 mms182	aagggccccc tggactgcag caggcgatc	910 920 930
2 tsip2	AAGGGCCCCC TCGACTGCAG CAGCGGTATC	
1 mms182	tcattatgat cagtgccttc atggccctgg	940 950 960
2 tsip2	TCATTATGAT CAGTGCCCTC ATGGCCCTGG	
1 mms182	tatttatcaa gtacctcccc gaatggaccg	970 980 990
2 tsip2	TATTATCAA GTACCTCCCC GAATGGACCG	

FIG. 8 (suite)

1 mms132 2 tsip2	1000 1010 1020 catggctcat cttggctcgt atttcagtat ----- CATGGCTCAT CTTGGCTGTC ATTTTCAGTAT
	1030 1040 1050 atgatttggg ggcgtgttta tgcctccaaag ----- ATGATTTGGT GGCCTGTTTA TGTCCCAAAG
1 mms132 2 tsip2	1060 1070 1080 gcccacttcg tatgctcgtt gaaacagctc ----- GCCCACTTCG TATGCTCGTT GAAACAGCTC
	1090 1100 1110 aggaaagaaa tgagactctc tttccagctc ----- AGGAAAGAAA TGAGACTCTC TTTCCAGCTC
1 mms132 2 tsip2	1120 1130 1140 ctatctattc ctcaacaatg gtgtggttgg ----- TTATCTATTCTCAACAATG GTGTGGTTGG
	1150 1160 1170 tgaatcatggc tgaaggagac ccagaagccc ----- TGAATCATGCC TGAAGGAGAC CCAGAAGCCC
1 mms132 2 tsip2	1180 1190 1200 aaaggagggg acccaagaac cccaagtata ----- AAAGGAGGGT ACCCAAGAAC CCCAAGTATA
	1210 1220 1230 acacacaaaag agcggagaga gagacacagg ----- ACACACAAAAG AGCGGAGAGA GAGACACAGG
1 mms132 2 tsip2	1240 1250 1260 acagtgggtc tgggaacgat gatgggtggc ----- ACAGTGGTTC TGGGAACGAT GATGGGTGGC
	1270 1280 1290 tcagtgagga gtgggaggcc caaagagaca ----- TCAGTCAGGA GTGGGAGGCC CAAAGAGACA
1 mms132 2 tsip2	1300 1310 1320 gtcacctggg ggcctcatcc tccactcccc ----- GTCACCTGGG GGCCTCATCC TCCACTCCCC

FIG. 8 (suite)

1 mms182	agtcgaagagc tggctgtccag gaacctctctg	1330	1340	1350
2 tsip2	AGTCAAGAGC TGGCTGTCCAG GAACTTCTC			
1 mms182	ggagcattct aacgagtga gacccggagg	1360	1370	1380
2 tsip2	GGAGCATTCT AACGAGTGAA GACCCGGAGG			
1 mms182	aaagaggagt aaaacttgga ctgggagatt	1390	1400	1410
2 tsip2	AAAGAGGAGT AAAACTTGGA CTGGGAGATT			
1 mms182	tcattttcta cagtgctctg gctggtaagg	1420	1430	1440
2 tsip2	TCATTTTCTA CAGTGTTCTG GTTGGTAAGG			
1 mms182	cctcagcaac cggcaglyga gactggaaca	1450	1460	1470
2 tsip2	CCTCAGCAAC CGCCAGTGGA GACTGGAACA			
1 mms182	caaccatagc ctgctttgta gccatactga	1480	1490	1500
2 tsip2	CAACCATAGC CTGCTTTGTA GCCATACTGA			
1 mms182	tgggcctgtg ccttacatta ctctgtctcg	1510	1520	1530
2 tsip2	TGGGCCTGTG CCTTACATTA CTCTGTCTCG			
1 mms182	ccaccttcac gaaagcgctg ccagccctcc	1540	1550	1560
2 tsip2	CCATTTTCAA GAAAGCGTTC CCAGCCCTCC			
1 mms182	ccatctccat cactctgggg ctctgtctct	1570	1580	1590
2 tsip2	CCATCTCCAT CACTCTGGGG CTCTGTCTCT			
1 mms182	acctcgccac ggattacctt gtgcagccct	1600	1610	1620
2 tsip2	ACTTCGCCAC GUATTACCTT GTGCAGCCCT			
1 mms182	tcattggacca acttgcatcc catcagtttt	1630	1640	1650
2 tsip2	TCATGGACCA ACTTGCACTC CATCAGTTTT			

FIG. 8 (suite)



1 mms182 J 2 tsip2	1650 1670 1680
	atattctagcc tctctgcagc tagaacatcg ----- ATATCTAGCC TTTCTGCACT TAGAACATCG
1 mms182 J 2 tsip2	1690 1700 1710
	atgtttcttc tttgattatc aaaaacacaa ----- ATGTTTCTTC TTTGATTATC AAAAACACAA
1 mms182 J 2 tsip2	1720 1730 1740
	aaacagagag caagcccgag gaggagactc ----- AAACAGAGAG CAAGCCCGAG GAGGAGACTC
1 mms182 J 2 tsip2	1750 1760 1770
	gtgactttcc tgcgtcttca gctaacaag ----- GTGACTTTCC TGTGTCTCA GCTAACAAAG
1 mms182 J 2 tsip2	1780 1790 1800
	gcaggactcc agctggactc ctgcagcttc ----- GCAGGACTCC AGCTGGACTC CTGCAGCTTC
1 mms182 J 2 tsip2	1810 1820 1830
	cttccgagtc tccctagcca cccgcactac ----- CTTCCGAGTC TCCCTAGCCA CCCGCCTAC
1 mms182 J 2 tsip2	1840 1850 1860
	ctgactgtcg aagggaagcg ctacagagga ----- CTGACTGTGG AAGGAAGCGT CTACAGAGGA
1 mms182 J 2 tsip2	1870 1880 1890
	acgggttcca acatccatcg ctgcagcaga ----- ACGGTTTCCA ACATCCATCG CTGCAGCAGA
1 mms182 J 2 tsip2	1900 1910 1920
	cgggtgctcc cagtgacttg agagacaagg ----- CGGTGTCCCT CAGTGACTTG AGAGACAAGG
1 mms182 J 2 tsip2	1930 1940 1950
	acaaggaaat gtgctgggac aaggagctgc ----- ACAAGGAAAT GTGCTGGGAC AAGGAGCTGC
1 mms182 J 2 tsip2	1960 1970 1980
	cgtgctctgc tagcttggac cgtgggcatg ----- CGTGCTCTGC TAGCTTGGAC CGTGGGCATG

FIG. 8 (suite)

		1990	2000	2010
1 mms182		gagattttacc cgcacttctga accctcttaag		
2 tsip2		GAGATTTACC CGCACTTCTGA ACTCTCTAAG		
		2020	2030	2040
1 mms182		gtaaacaaaag tggggtgaac c		
2 tsip2		GTAACAAAAG TCAGGTGAAC CAAACAGAGC		
		2050	2060	2070
1 mms182		<==		
2 tsip2		TGCCATYCTT CCACACCATG TTGGAAATAA		
		2080	2090	2100
1 mms182		<==		
2 tsip2		AACCGTCCTA GCTGGAACCC TTACTGTCCC		
		2110	2120	2130
1 mms182		<==		
2 tsip2		AGGAGGTTCC GTGTGGGGGT GGCCTGGGC		
		2140	2150	2160
1 mms182		<==		
2 tsip2		CGGGCCTCCC TCTCAGGCTC CTTTGCTGCC		
		2170	2180	2190
1 mms182		<==		
2 tsip2		CACTTGTAAG TTAAATAAG GACACCGCCC		
		2200	2210	2220
1 mms182		<==		
2 tsip2		TACACAAACC TCACCCCTGT CACATCCAGT		
		2230	2240	2250
1 mms182		<==		
2 tsip2		GACTCTGACC ACTTTAGTTC TCAAACCTCTC		
		2260	2270	2280
1 mms182		<==		
2 tsip2		TCACTATTAT CTGTGGTTGC CTTTTCTTCC		
		2290	2300	2310
1 mms182		<==		
2 tsip2		CAAGGCCAGC CTGGACGAAT TTGGGGTTGC		

FIG. 8 (suite)

1 mms182 3 2 tsip2	<== <== TCTATCCTGA GAGTTGTAAC CTCAACTTCC	2320	2330	2340
		2350	2360	2370
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== AAAGTTTATA TTTTCTTGAA ATGATGGATC	2380	2390	2400
		2410	2420	2430
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== TATTGCTCAA CAGTCCCTGT CATCCTTAAG	2440	2450	2460
		2470	2480	2490
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== TGACTTCTGG GTTTCCTCACA AATTCCTCAC	2500	2510	2520
		2530	2540	2550
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== TTTGTAGACAC ACTCTAAGCT TACTTCTGGC	2560	2570	2580
		2590	2600	2610
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== GCCCCACAGC GGTTCCTTGA CAGCAGACAA	2620	2630	2640
		2650	2660	2670
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== GGCAGCTCTG GGAGGTAGCT AGTATCCAAT	2680	2690	2700
		2710	2720	2730
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== AATCCAGGGG TTTCTCATG TGATGCAAAAT	2740	2750	2760
		2770	2780	2790
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== ACTACGTGTC CAACCAATCA GTGCTGTCAA	2800	2810	2820
		2830	2840	2850
1 mms182 3 2 tsip2	<== <== CGGGCTGCCA TAGCTCCTTC GATGGCAAAAT	2860	2870	2880
		2890	2900	2910

FIG. 8 (suite)

16/16

		2550	2600	2670
1 mms132	<==			
3	<==			
2 tsip2	AGGATGTGTG CCCAAAGAAT TAAAGCGATC			
		2630	2690	2700
1 mms182	<==			
3	<==			
2 tsip2	AGTGGCTGGT G			

FIG. 8 (fin)



## DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS (PCT)

<b>(51) Classification internationale des brevets <sup>6</sup> :</b> <b>C12N 15/12, 15/86, 5/10, C07K 14/47, 14/82, A61K 39/395, 48/00, C12Q 1/68, G01N 33/574, 33/68</b>	<b>A3</b>	<b>(11) Numéro de publication internationale: WO 97/22695</b> <b>(43) Date de publication internationale: 26 juin 1997 (26.06.97)</b>
<b>(21) Numéro de la demande internationale:</b> PCT/FR96/02061 <b>(22) Date de dépôt international:</b> 20 décembre 1996 (20.12.96)  <b>(30) Données relatives à la priorité:</b> 95/15146 20 décembre 1995 (20.12.95) FR 96/04853 18 avril 1996 (18.04.96) FR  <b>(71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US):</b> FONDATION JEAN DAUSSET-CEPH [FR/FR]; 27, rue Juliette-Dodu, F-75010 Paris (FR).  <b>(72) Inventeurs; et</b> <b>(75) Inventeurs/Déposants (US seulement):</b> TALERMAN, Adam [FR/FR]; 12, rue de la Chaise, F-75007 Paris (FR). AMSON, Robert [FR/FR]; 10, rue Gay-Lussac, F-75005 Paris (FR). COHEN, Daniel [FR/FR]; 3, rue de l'Orme-au-Mesnier, F-91600 Savigny-sur-Orge (FR).  <b>(74) Mandataires:</b> MARTIN, Jean-Jacques etc.; Cabinet Regimbeau, 26, avenue Kléber, F-75116 Paris (FR).	<b>(81) Etats désignés:</b> CA, JP, US, brevet européen (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Publiée</b> <i>Avec rapport de recherche internationale.</i>  <b>(88) Date de publication du rapport de recherche internationale:</b> 18 septembre 1997 (18.09.97)	
<b>(54) Title: NUCLEOTIDE SEQUENCES, PROTEINS, DRUGS AND DIAGNOSTIC AGENTS FOR TREATING CANCER</b> <b>(54) Titre: SEQUENCES NUCLEOTIDIQUES, PROTEINES, MEDICAMENTS ET AGENTS DIAGNOSTIQUES UTILES DANS LE TRAITEMENT DU CANCER</b>  <b>(57) Abstract</b> <p>A nucleotide sequence corresponding to a gene comprising (a) one of sequences SEQ ID 1 to 11, or an equivalent gene which comprises (b) a sequence hybridisable with one of the sequences of (a), (c) a sequence at least 80 % homologous with (a) or (b), or (d) a sequence coding for a protein encoded by a gene according to (a), (b) or (c), or for an equivalent protein, and the use thereof, in particular for controlling cancer as well as for therapeutic follow-up. These genes are in the TSAP (tumor suppressor activated pathway) group, designated TSAP 1 to TSAP 8 and TSAP 3 human (or HUMSIAH) and in TSIP (tumor suppressor inhibited pathway) group, designated TSIP 1 and TSIP 2, both types of genes corresponding to sequences activated or inhibited, respectively, during cellular apoptosis, particularly that induced by p53.</p> <b>(57) Abrégé</b> <p>La présente invention concerne une séquence nucléotidique correspondant à un gène comportant: (a) une séquence selon l'une des IND. SEQ 1 à 11 ou un gène équivalent qui comporte: (b) une séquence s'hybridant avec l'une des séquences selon (a), (c) une séquence présentant au moins 80 % d'homologie avec (a) ou (b), ou (d) une séquence codant pour une protéine codée par un gène selon (a), (b) ou (c) ou pour une protéine équivalente, et leur application notamment dans la suppression du cancer ainsi que dans le suivi thérapeutique. Ces gènes regroupés en TSAP (tumor suppressor activated pathway) et dénommés TSAP 1 à TSAP 8 et TSAP 3 humain (ou HUMSIAH), et en TSIP (tumor suppressor inhibited pathway) et dénommés TSIP 1 et TSIP 2, ces deux types de gènes correspondant respectivement à des séquences induites ou inhibées lors de l'apoptose cellulaire, notamment celles induites par p53.</p>		

# **UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION**

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AT	Arménie	GB	Royaume-Uni	MW	Malawi
AT	Autriche	GE	Géorgie	MX	Mexique
AU	Australie	GN	Guinée	NE	Niger
BB	Barbade	GR	Grèce	NL	Pays-Bas
BE	Belgique	HU	Hongrie	NO	Norvège
BF	Burkina Faso	IE	Irlande	NZ	Nouvelle-Zélande
BG	Bulgarie	IT	Italie	PL	Pologne
BJ	Bénin	JP	Japon	PT	Portugal
BR	Brésil	KE	Kenya	RO	Roumanie
BY	Bélarus	KG	Kirghizistan	RU	Fédération de Russie
CA	Canada	KP	République populaire démocratique de Corée	SD	Soudan
CF	République centrafricaine	KR	République de Corée	SE	Suède
CG	Congo	KZ	Kazakhstan	SG	Singapour
CH	Suisse	LI	Liechtenstein	SI	Slovénie
CI	Côte d'Ivoire	LK	Sri Lanka	SK	Slovaquie
CM	Cameroun	LR	Libéria	SN	Sénégal
CN	Chine	LT	Lituanie	SZ	Swaziland
CS	Tchécoslovaquie	LU	Luxembourg	TD	Tchad
CZ	République tchèque	LV	Lettonie	TG	Togo
DE	Allemagne	MC	Monaco	TJ	Tadjikistan
DK	Danemark	MD	République de Moldova	TT	Trinité-et-Tobago
EE	Estonie	MG	Madagascar	UA	Ukraine
ES	Espagne	ML	Mali	UG	Ouganda
FI	Finlande	MN	Mongolie	US	Etats-Unis d'Amérique
FR	France	MR	Mauritanie	UZ	Ouzbékistan
GA	Gabon			VN	Viet Nam

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 96/02061

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/12 C12N15/86 C12N5/10 C07K14/47 C07K14/82  
A61K39/395 A61K48/00 C12Q1/68 G01N33/574 G01N33/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	J. BIOL. CHEM., vol. 268, no. 28, 5 October 1993, pages 21318-21327, XP002013539 LEE: "Purification, molecular cloning and sequencing of phospholipase C-beta4" see the whole document	1,3,7,17
A	---	26
X	HUMAN MOLECULAR GENETICS, vol. 3, no. 3, 1994, pages 465-470, XP002013540 TODA: "Isolation and characterization of a novel gene encoding nuclear protein at a locus (D11S636) tightly linked to multiple endocrine neoplasia type 1 (MEN1)" see the whole document	4,7,17
A	---	26
	--- -/--	



Further documents are listed in the continuation of box C.



Patent family members are listed in annex.

### \* Special categories of cited documents:

- \* "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- \* "E" earlier document but published on or after the international filing date
- \* "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- \* "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- \* "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- \* "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- \* "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- \* "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- \* "&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

12 June 1997

Date of mailing of the international search report

30.06.97

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+ 31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax (+ 31-70) 340-3016

Authorized officer

Gac, G

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter. Application No  
PCT/FR 96/02061

C(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	DEVELOPMENT, vol. 117, no. 4, 1993, pages 1333-1343, XP000601972 DELLA: "Isolation and characterization of murine homologues of the Drosophila seven in absentia gene (sina)" see the whole document & DATABASE EMBL ID: MMSIAH1A, AC=Z19579, see the comparison or alignment of the nucleotide and protein sequences ---	1,3,7,17
A	FEBS LETT., vol. 374, no. 3, 6 November 1995, pages 384-386, XP002013541 GUENAL: "Studies of specific gene induction during apoptosis of cell lines conditionally immortalized by SV40" see the whole document ---	1-9,11, 15,26,31
A	WO 95 19367 A (LA JOLLA CANCER RESEARCH FOUNDATION) 20 July 1995 see the whole document ---	1-27
A	WO 95 11301 A (THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF MICHIGAN) 27 April 1995 see the whole document ---	1-27
A	ONCOGENE, vol. 9, no. 12, 1994, pages 3743-3751, XP000602314 ZHAN: "Induction of bax by genotoxic stress in human cells correlates with normal p53 status and apoptosis" see the whole document ---	1-27
Y	SCIENCE, vol. 257, 14 August 1992, pages 967-971, XP000508268 LIANG: "Differential display of eukaryotic messenger RMA by means of the polymerase chain reaction" cited in the application see the whole document ---	32
Y	NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 19, no. 14, 25 July 1991, page 4008 XP002013542 DON: "'Touchdown' PCR to circumvent spurious priming during gene amplification" cited in the application see the whole document ---	32
	-/--	



# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Inter. Application No

PCT/FR 96/02061

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>DATABASE EMBL  ID: HS152227, AC= H72152, 2 November 1995  XP002019920  see the alignment of nucleotide  and protein sequences; the  descriptors  &amp; UNPUBLISHED,  1995,  HILLIER ET AL.:  ---</p>	1,3,7, 17,26
A,P	<p>DATABASE EMBL  ID: HS49264, AC=N31049, 12 January 1996  XP002019921  see the alignment of nucleotide  and protein sequences; the  descriptors.  &amp; UNPUBLISHED,  1996,  HILLIER ET AL.:  ---</p>	1,3,7, 17,26
P,X	<p>PROC. NATL ACAD. SCI.,  vol. 93, no. 9, 30 April 1996,  pages 3953-3957, XP002032914  AMSON ET AL.: "Isolation of 10  differentially expressed cDNAs in  p53-induced apoptosis : activation of the  vertebrate homologue of Drosophila seven  in absentia gene"  see the whole document  ---</p>	1-10,17, 19,21, 24,26,27
P,X	<p>PROC. NATL ACAD. SCI.,  vol. 93, no. 17, 20 August 1996,  pages 9039-9042, XP000611649  NEMANI ET AL.: "Activation of the human  homologue of the Drosophila sina gene in  apoptosis and tumor suppression"  see the whole document  ---</p>	1-3,5-7, 17,19,26
A	<p>NATURE,  vol. 375, 29 June 1995,  pages 754-760, XP002032915  SHERRINGTON ET AL.: "Cloning of a gene  bearing missense mutations in early-onset  familial Alzheimer's disease"  cited in the application  see the whole document  ---</p>	1,8,10, 25,28,29
A	<p>AUSTRALIAN AND NEW ZEALAND JOURNAL OF  MEDICINE,  vol. 25, no. 6, December 1995,  pages 845-851, XP000610669  DELLA N G ET AL: "A COMBINED GENETIC AND  BIOCHEMICAL APPROACH TO MAMMALIAN SIGNAL  TRANSDUCTION"  see the whole document  -----</p>	1,3,7

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 96/02061

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9519367 A	20-07-95	US 5484710 A	16-01-96
WO 9511301 A	27-04-95	AU 7983294 A	08-05-95

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Den. : Internationale No  
PCT/FR 96/02061

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE					
CIB 6	C12N15/12	C12N15/86	C12N5/10	C07K14/47	C07K14/82
	A61K39/395	A61K48/00	C12Q1/68	G01N33/574	G01N33/68
Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB					
B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE					
Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)					
CIB 6	C12N	C07K	A61K		
Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche					
Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si cela est réalisable, termes de recherche utilisés)					
C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS					
Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents				no. des revendications visées
X	J. BIOL. CHEM., vol. 268, no. 28, 5 Octobre 1993, pages 21318-21327, XP002013539 LEE: "Purification, molecular cloning and sequencing of phospholipase C-beta4" voir le document en entier				1,3,7,17
A					26
X	HUMAN MOLECULAR GENETICS, vol. 3, no. 3, 1994, pages 465-470, XP002013540 TODA: "Isolation and characterization of a novel gene encoding nuclear protein at a locus (D11S636) tightly linked to multiple endocrine neoplasia type 1 (MEN1)" voir le document en entier				4,7,17
A					26
--- -/--					
<input checked="" type="checkbox"/> Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents <input checked="" type="checkbox"/> Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe					
* Catégories spéciales de documents cités:					
"A" document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent			"T" document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention		
"E" document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date			"X" document particulièrement pertinent, l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément		
"L" document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)			"Y" document particulièrement pertinent, l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier		
"O" document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens			"A" document qui fait partie de la même famille de brevets		
"P" document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée					
Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée				Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale	
12 Juin 1997				30.06.97	
Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+ 31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+ 31-70) 340-3016				Fonctionnaire autorisé  Gac, G	

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem. Internationale No  
PCT/FR 96/02061

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	<p>DEVELOPMENT, vol. 117, no. 4, 1993, pages 1333-1343, XP000601972 DELLA: "Isolation and characterization of murine homologues of the Drosophila seven in absentia gene (sina)" voir le document en entier &amp; DATABASE EMBL ID: MMSIAH1A, AC=Z19579, voir la comparaison / l'alignement des séquences nucléotidiques et protéiques ---</p>	1,3,7,17
A	<p>FEBS LETT., vol. 374, no. 3, 6 Novembre 1995, pages 384-386, XP002013541 GUENAL: "Studies of specific gene induction during apoptosis of cell lines conditionally immortalized by SV40" voir le document en entier ---</p>	1-9,11, 15,26,31
A	<p>WO 95 19367 A (LA JOLLA CANCER RESEARCH FOUNDATION) 20 Juillet 1995 voir le document en entier ---</p>	1-27
A	<p>WO 95 11301 A (THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF MICHIGAN) 27 Avril 1995 voir le document en entier ---</p>	1-27
A	<p>ONCOGENE, vol. 9, no. 12, 1994, pages 3743-3751, XP000602314 ZHAN: "Induction of bax by genotoxic stress in human cells correlates with normal p53 status and apoptosis" voir le document en entier ---</p>	1-27
Y	<p>SCIENCE, vol. 257, 14 Août 1992, pages 967-971, XP000508268 LIANG: "Differential display of eukaryotic messenger RMA by means of the polymerase chain reaction" cité dans la demande voir le document en entier ---</p>	32
Y	<p>NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 19, no. 14, 25 Juillet 1991, page 4008 XP002013542 DON: "'Touchdown" PCR to circumvent spurious priming during gene amplification" cité dans la demande voir le document en entier ---</p>	32
	-/--	

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Dem. : Internationale No  
PCT/FR 96/02061

## C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	DATABASE EMBL ID: HS152227, AC= H72152, 2 Novembre 1995 XP002019920 voir l'alignements des séquences nucléotidiques et protéiques; les descripteurs & UNPUBLISHED, 1995, HILLIER ET AL.: ---	1,3,7, 17,26
A,P	DATABASE EMBL ID: HS49264, AC=N31049, 12 Janvier 1996 XP002019921 Voir l'alignement des séquences nucléotidiques et protéiques; les descripteurs. & UNPUBLISHED, 1996, HILLIER ET AL.: ---	1,3,7, 17,26
P,X	PROC. NATL ACAD. SCI., vol. 93, no. 9, 30 Avril 1996, pages 3953-3957, XP002032914 AMSON ET AL.: "Isolation of 10 differentially expressed cDNAs in p53-induced apoptosis : activation of the vertebrate homologue of Drosophila seven in absentia gene" voir le document en entier ---	1-10,17, 19,21, 24,26,27
P,X	PROC. NATL ACAD. SCI., vol. 93, no. 17, 20 Août 1996, pages 9039-9042, XP000611649 NEMANI ET AL.: "Activation of the human homologue of the Drosophila sina gene in apoptosis and tumor suppression" voir le document en entier ---	1-3,5-7, 17,19,26
A	NATURE, vol. 375, 29 Juin 1995, pages 754-760, XP002032915 SHERRINGTON ET AL.: "Cloning of a gene bearing missense mutations in early-onset familial Alzheimer's disease" cité dans la demande voir le document en entier ---	1,8,10, 25,28,29
A	AUSTRALIAN AND NEW ZEALAND JOURNAL OF MEDICINE, vol. 25, no. 6, Décembre 1995, pages 845-851, XP000610669 DELLA N G ET AL: "A COMBINED GENETIC AND BIOCHEMICAL APPROACH TO MAMMALIAN SIGNAL TRANSDUCTION" voir le document en entier -----	1,3,7

# RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

Dém. Internationale No  
PCT/FR 96/02061

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
WO 9519367 A	20-07-95	US 5484710 A	16-01-96
WO 9511301 A	27-04-95	AU 7983294 A	08-05-95